

Figure 1

[illegible]

[illegible]

| | | | |
|-----------|-----|---|---|
| IBVXCPS | 301 | CTGGCCAAATTCGCAATCCCAACCTCCCTGCTCCAAATTCCTCGGTATGCGCTGGCTTTTATCATATCCCTCTCATCTGCTGCTATATGCCATCATCTCTGTTGGTTCTTC | A |
| IBVADW | | | A |
| IBVIEPB | | | A |
| 550225 | | | A |
| IPBADHZCG | | | G |
| IPBADH3 | | | G |
| IPBADH2 | | | G |
| IPBADH1 | | | G |
| IPBADH2 | | | C |
| IPBCGADR | | | C |
| IBVADRH | | | C |
| IPBADRA | | | C |
| IPBCG | | | C |
| IBVADRH | | | C |
| IBVADR | | | C |
| IBVADR4 | | | C |
| IPBADR1C | | | C |
| IPBADRC | | | C |
| IBVPREX | | | C |
| IPDETHC | | | C |
| IBVBC | | | C |
| IBVCCIA | | | C |
| IBVATKHC | | | C |
| IBVATMC | | | C |
| IBVATMC1 | | | C |
| IBVATHE | | | C |
| IBVDHA | | | C |
| IPBIBVAA | | | C |
| XXIEPAV | | | C |
| IBVORFS | | | C |
| IBVBE4 | | | C |
| IBVBBAS | | | C |
| IBVBF | | | C |
| IBVBFQJ | | | C |
| IBVADW4A | | | C |

28/08

[illegible]

| | IBP 94 | End of IBsAg | |
|-------------|-------------------|--------------------------------------|--|
| IBVXCP5 | ATCGTGGTCCCTTATAC | TCGTGTAACCAATTTCTTTGTCCTGGGATACATTAA | ACCTAACAAACAAAGAATGGGGTATATCCCTAAACTTCATGGCTACATAATTTGGAGGTT |
| IBVADW | | | G |
| IBVIEPB | | | GI TG |
| SS0225 | | | GI TG |
| IBP BADW2LG | | | GI TG |
| IBP BADH3 | | | GI TG |
| IBP BADH2 | | | GI TG |
| IBP BADV1 | | | GA TG |
| IBP BADV2 | | | GA TG |
| IBP BADV3 | | | GA TG |
| IBP BADV4 | | | GA TG |
| IBP BADV5 | | | GA TG |
| IBP BADV6 | | | GA TG |
| IBP BADV7 | | | GA TG |
| IBP BADV8 | | | GA TG |
| IBP BADV9 | | | GA TG |
| IBP BADV10 | | | GA TG |
| IBP BADV11 | | | GA TG |
| IBP BADV12 | | | GA TG |
| IBP BADV13 | | | GA TG |
| IBP BADV14 | | | GA TG |
| IBP BADV15 | | | GA TG |
| IBP BADV16 | | | GA TG |
| IBP BADV17 | | | GA TG |
| IBP BADV18 | | | GA TG |
| IBP BADV19 | | | GA TG |
| IBP BADV20 | | | GA TG |
| IBP BADV21 | | | GA TG |
| IBP BADV22 | | | GA TG |
| IBP BADV23 | | | GA TG |
| IBP BADV24 | | | GA TG |
| IBP BADV25 | | | GA TG |
| IBP BADV26 | | | GA TG |
| IBP BADV27 | | | GA TG |
| IBP BADV28 | | | GA TG |
| IBP BADV29 | | | GA TG |
| IBP BADV30 | | | GA TG |
| IBP BADV31 | | | GA TG |
| IBP BADV32 | | | GA TG |
| IBP BADV33 | | | GA TG |
| IBP BADV34 | | | GA TG |
| IBP BADV35 | | | GA TG |
| IBP BADV36 | | | GA TG |
| IBP BADV37 | | | GA TG |
| IBP BADV38 | | | GA TG |
| IBP BADV39 | | | GA TG |
| IBP BADV40 | | | GA TG |
| IBP BADV41 | | | GA TG |
| IBP BADV42 | | | GA TG |
| IBP BADV43 | | | GA TG |
| IBP BADV44 | | | GA TG |
| IBP BADV45 | | | GA TG |
| IBP BADV46 | | | GA TG |
| IBP BADV47 | | | GA TG |
| IBP BADV48 | | | GA TG |
| IBP BADV49 | | | GA TG |
| IBP BADV50 | | | GA TG |
| IBP BADV51 | | | GA TG |
| IBP BADV52 | | | GA TG |
| IBP BADV53 | | | GA TG |
| IBP BADV54 | | | GA TG |
| IBP BADV55 | | | GA TG |
| IBP BADV56 | | | GA TG |
| IBP BADV57 | | | GA TG |
| IBP BADV58 | | | GA TG |
| IBP BADV59 | | | GA TG |
| IBP BADV60 | | | GA TG |
| IBP BADV61 | | | GA TG |
| IBP BADV62 | | | GA TG |
| IBP BADV63 | | | GA TG |
| IBP BADV64 | | | GA TG |
| IBP BADV65 | | | GA TG |
| IBP BADV66 | | | GA TG |
| IBP BADV67 | | | GA TG |
| IBP BADV68 | | | GA TG |
| IBP BADV69 | | | GA TG |
| IBP BADV70 | | | GA TG |
| IBP BADV71 | | | GA TG |
| IBP BADV72 | | | GA TG |
| IBP BADV73 | | | GA TG |
| IBP BADV74 | | | GA TG |
| IBP BADV75 | | | GA TG |
| IBP BADV76 | | | GA TG |
| IBP BADV77 | | | GA TG |
| IBP BADV78 | | | GA TG |
| IBP BADV79 | | | GA TG |
| IBP BADV80 | | | GA TG |
| IBP BADV81 | | | GA TG |
| IBP BADV82 | | | GA TG |
| IBP BADV83 | | | GA TG |
| IBP BADV84 | | | GA TG |
| IBP BADV85 | | | GA TG |
| IBP BADV86 | | | GA TG |
| IBP BADV87 | | | GA TG |
| IBP BADV88 | | | GA TG |
| IBP BADV89 | | | GA TG |
| IBP BADV90 | | | GA TG |
| IBP BADV91 | | | GA TG |
| IBP BADV92 | | | GA TG |
| IBP BADV93 | | | GA TG |
| IBP BADV94 | | | GA TG |
| IBP BADV95 | | | GA TG |
| IBP BADV96 | | | GA TG |
| IBP BADV97 | | | GA TG |
| IBP BADV98 | | | GA TG |
| IBP BADV99 | | | GA TG |
| IBP BADV100 | | | GA TG |
| IBP BADV101 | | | GA TG |
| IBP BADV102 | | | GA TG |
| IBP BADV103 | | | GA TG |
| IBP BADV104 | | | GA TG |
| IBP BADV105 | | | GA TG |
| IBP BADV106 | | | GA TG |
| IBP BADV107 | | | GA TG |
| IBP BADV108 | | | GA TG |
| IBP BADV109 | | | GA TG |
| IBP BADV110 | | | GA TG |
| IBP BADV111 | | | GA TG |
| IBP BADV112 | | | GA TG |
| IBP BADV113 | | | GA TG |
| IBP BADV114 | | | GA TG |
| IBP BADV115 | | | GA TG |
| IBP BADV116 | | | GA TG |
| IBP BADV117 | | | GA TG |
| IBP BADV118 | | </ | |

[illegible]

10/28

[illegible]

[illegible]

88

Coar-
promoter

pre core promoter

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

| | | | | | |
|------------|---------------------------------------|--|---------------------------|----------------------------|--------------------|
| 2551 | TTCCCTAAAGATATATTCAGAGGACATATTAATAGTG | CAACAATTGTGGGCTCTCACCTGTAATGAAAGAGAGAT | TCAAAATTAATATATGCTTCCAGAT | TCTATCTTACCACACACTAAATATAT | TGCCCCCTAGACAAAGGA |
| HBVXCFPS | A | | | | |
| HBVADW | A | | | | |
| HBVIEP9 | A | | | | |
| S50225 | A | | | | |
| HBFBADIZCG | A | | | | |
| HBFBADIZ3 | A | | | | |
| HBFBADIZ2 | A | | | | |
| HBFBADIZ1 | A | | | | |
| HBFBADIZ2 | A | | | | |
| HBFBADIZ3 | A | | | | |
| HBFBADIZ4 | A | | | | |
| HBFBADIZ5 | A | | | | |
| HBFBADIZ6 | A | | | | |
| HBFBADIZ7 | A | | | | |
| HBFBADIZ8 | A | | | | |
| HBFBADIZ9 | A | | | | |
| HBFBADIZ10 | A | | | | |
| HBFBADIZ11 | A | | | | |
| HBFBADIZ12 | A | | | | |
| HBFBADIZ13 | A | | | | |
| HBFBADIZ14 | A | | | | |
| HBFBADIZ15 | A | | | | |
| HBFBADIZ16 | A | | | | |
| HBFBADIZ17 | A | | | | |
| HBFBADIZ18 | A | | | | |
| HBFBADIZ19 | A | | | | |
| HBFBADIZ20 | A | | | | |
| HBFBADIZ21 | A | | | | |
| HBFBADIZ22 | A | | | | |
| HBFBADIZ23 | A | | | | |
| HBFBADIZ24 | A | | | | |
| HBFBADIZ25 | A | | | | |
| HBFBADIZ26 | A | | | | |
| HBFBADIZ27 | A | | | | |
| HBFBADIZ28 | A | | | | |
| HBFBADIZ29 | A | | | | |
| HBFBADIZ30 | A | | | | |
| HBFBADIZ31 | A | | | | |
| HBFBADIZ32 | A | | | | |
| HBFBADIZ33 | A | | | | |
| HBFBADIZ34 | A | | | | |
| HBFBADIZ35 | A | | | | |
| HBFBADIZ36 | A | | | | |
| HBFBADIZ37 | A | | | | |
| HBFBADIZ38 | A | | | | |
| HBFBADIZ39 | A | | | | |
| HBFBADIZ40 | A | | | | |
| HBFBADIZ41 | A | | | | |
| HBFBADIZ42 | A | | | | |
| HBFBADIZ43 | A | | | | |
| HBFBADIZ44 | A | | | | |
| HBFBADIZ45 | A | | | | |
| HBFBADIZ46 | A | | | | |
| HBFBADIZ47 | A | | | | |
| HBFBADIZ48 | A | | | | |
| HBFBADIZ49 | A | | | | |
| HBFBADIZ50 | A | | | | |
| HBFBADIZ51 | A | | | | |
| HBFBADIZ52 | A | | | | |
| HBFBADIZ53 | A | | | | |
| HBFBADIZ54 | A | | | | |
| HBFBADIZ55 | A | | | | |
| HBFBADIZ56 | A | | | | |
| HBFBADIZ57 | A | | | | |
| HBFBADIZ58 | A | | | | |
| HBFBADIZ59 | A | | | | |
| HBFBADIZ60 | A | | | | |
| HBFBADIZ61 | A | | | | |
| HBFBADIZ62 | A | | | | |
| HBFBADIZ63 | A | | | | |
| HBFBADIZ64 | A | | | | |
| HBFBADIZ65 | A | | | | |
| HBFBADIZ66 | A | | | | |
| HBFBADIZ67 | A | | | | |
| HBFBADIZ68 | A | | | | |
| HBFBADIZ69 | A | | | | |
| HBFBADIZ70 | A | | | | |
| HBFBADIZ71 | A | | | | |
| HBFBADIZ72 | A | | | | |
| HBFBADIZ73 | A | | | | |
| HBFBADIZ74 | A | | | | |
| HBFBADIZ75 | A | | | | |
| HBFBADIZ76 | A | | | | |
| HBFBADIZ77 | A | | | | |
| HBFBADIZ78 | A | | | | |
| HBFBADIZ79 | A | | | | |
| HBFBADIZ80 | A | | | | |
| HBFBADIZ81 | A | | | | |
| HBFBADIZ82 | A | | | | |
| HBFBADIZ83 | A | | | | |
| HBFBADIZ84 | A | | | | |
| HBFBADIZ85 | A | | | | |
| HBFBADIZ86 | A | | | | |
| HBFBADIZ87 | A | | | | |
| HBFBADIZ88 | A | | | | |
| HBFBADIZ89 | A | | | | |
| HBFBADIZ90 | A | | | | |
| HBFBADIZ91 | A | | | | |
| HBFBADIZ92 | A | | | | |
| HBFBADIZ93 | A | | | | |
| HBFBADIZ94 | A | | | | |
| HBFBADIZ95 | A | | | | |
| HBFBADIZ96 | A | | | | |
| HBFBADIZ97 | A | | | | |
| HBFBADIZ98 | A | | | | |
| HB | | | | | |

[illegible]

| | Start IIIpres2Ag | LIPA Probe |
|-----------|---|------------|
| IBVXCP5 | CTGCAGTCAAGGAGGAGGCTACCTCCCATCTCTCCACCTCTAAGAGACAGT | ATGCAGTGG |
| IBVADU | | |
| IBVIEPB | | |
| S50225 | | |
| IPBADH2C6 | | |
| IPBADH3 | | |
| IPBADV2 | | |
| IPBADH1 | | |
| IPBADV2 | | |
| IPBCCADR | | |
| IBVADRH | | |
| IPBADRA | | |
| IPBCG | | |
| IBNVATR | | |
| IBVADR | | |
| IBVADR4 | | |
| IPBADR1C | | |
| IPBADRC | | |
| IBVPREX | | |
| IPDETIC | | |
| IBVBC | | |
| IBVCCIA | | |
| IBVATWICG | | |
| IBVATYC | | |
| IBVATYC1 | | |
| IBVATYE | | |
| IBVDIA | | |
| IPBIIVAA | | |
| XXIEPAV | | |
| IBVORE5 | | |
| IBVBE4 | | |
| IBVBBAS | | |
| IBVBF | | |
| IBVBTFOU | | |
| IBVADU/A | | |

54

62

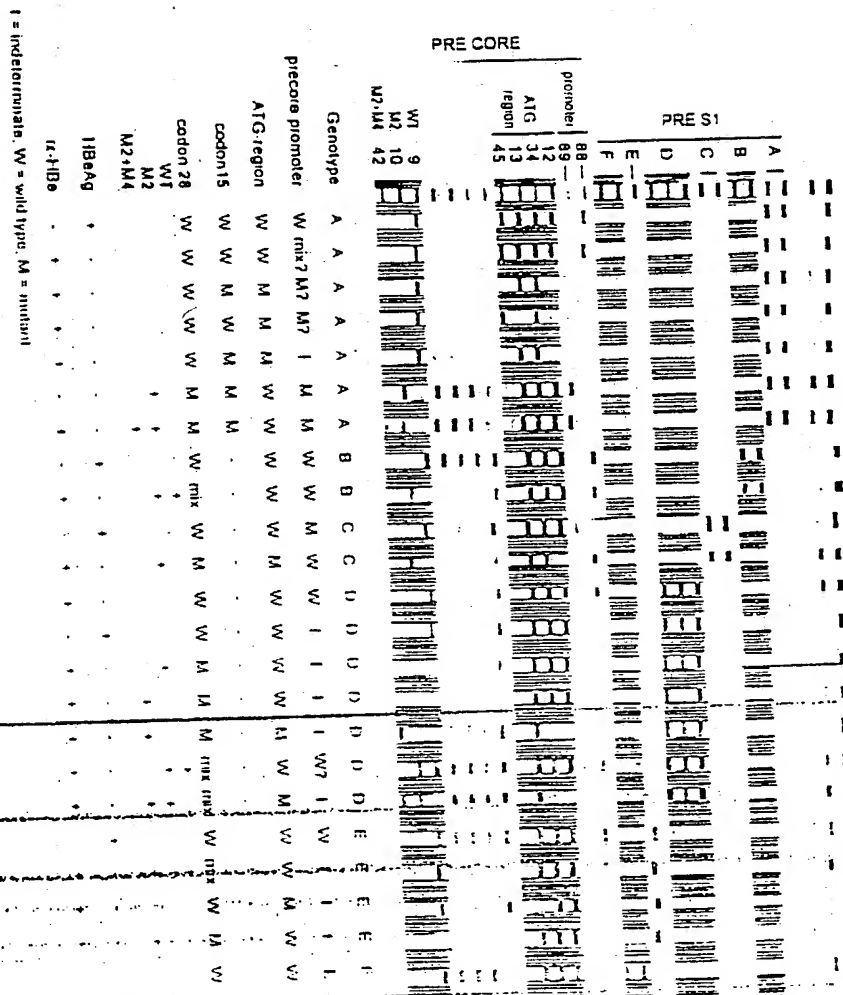
23/28

Figure 2: LiPA HBV design

| | | | HBPr | |
|-----------|---------|---------------------|------------------------|----------------------|
| LiPA line | Region | Purpose | Probe number/SEQ ID NO | sequence |
| 0 | | Pencil line | | |
| 1 | | biotinylated DNA | | |
| 2 | PreS1 | amol. contr. | 33 | ICTGAGGGGCTCCACCCCA |
| 3 | PreS1 | Genotype A | 22 | IAACCTCGCAAAGGCAT |
| 4 | PreS1 | Genotype A | 50 | ICCCAGAGGGTTGGGAAC |
| | PreS1 | Genotype A | 15 | IGCCAGCAGCCAACCAG |
| 5 | PreS1 | Genotype B | 57 | ICTGCATTCAAAGCCAACT |
| | PreS1 | Genotype B | 58 | ICCCCATGGGGGACTGTTG |
| 6 | PreS1 | Genotype B | 59 | ICATACTCACAACGTGCGCA |
| 7 | PreS1 | Genotype C | 55 | ITCAACCCCAACAAGGATC |
| 8 | PreS1 | Genotype C | 54 | ITCAGGAAGACAGCCTAC |
| 9 | PreS1 | Genotype D | 92 | ITCTGCCCATGCTGTA |
| 10 | PreS1 | Genotype D | 56 | IAATGCTCCAGCTCCTAC |
| 11 | PreS1 | Genotype D | 73 | ITTCACCAGCAATCCTC |
| 12 | PreS1 | Genotype E | 60 | IGGGCTTTCTTGGACGGTCC |
| | PreS1 | Genotype E | 61 | ICTCTCGAATGGGGGAAGA |
| | PreS1 | Genotype E | 62 | ICCTACCCCAATCACTCCA |
| | PreS1 | Genotype F | 63 | IAGCACCTCTCTCAACGACA |
| 13 | PreS1 | Genotype F | 64 | IGCAAATTCAGCAGTCCCG |
| 14 | PreS1 | Genotype F | 65 | IGCCAATGGCAAACAAGGTA |
| | PreS1 | Genotype F | 88 | ITAGGTTAAAGGTCTTTGT |
| 15 | preCore | promotor | 89 | ITAGGTTAATGATCTTTGT |
| 16 | preCore | promotor | 12 | IAAGTTGCATGGTGCTG |
| 17 | preCore | scan codon -2 to +3 | 34 | IATGCAACTTTTTCACC |
| 18 | preCore | scan codon 1 to 5 | 13 | ICACCTCTGCCTAATCAT |
| 19 | preCore | scan codon 5 to 9 | 45 | TGTACATGTCCCACTGTT |
| 20 | preCore | scan codon 12 to 17 | 46 | TGTTTCATGTCTACTGTT |
| 21 | preCore | scan codon 12 to 17 | 47 | IACGTTCGAAGCCTCCAAG |
| 22 | preCore | scan codon 16 to 20 | 48 | GGCAGAGCTTGGAGGCTT |
| 23 | preCore | scan codon 19 to 23 | 49 | IAAGGCCACCCAAGGCACA |
| 24 | preCore | scan codon 23 to 27 | 9 | TGGCTTTGGGGCATGG |
| 25 | preCore | codon 28 wt | 10 | TGGCTTTAGGGCATGG |
| 26 | preCore | codon 28 mt | 42 | TGGCTTTAGGACATGGA |
| 27 | preCore | codon 28+29-mt | | |

Figure 3

24/28



25/28

Figure 4

Genotyping in HBsAg

| Genotype | Oligo | Sequence |
|----------|----------|------------------------------|
| A | HBPr 193 | GGA TCA ACA ACA ACC AGT |
| | HBPr 140 | CT CAA GGC AAC TCT ATG GG |
| | HBPr 77 | CTA CGG ATG GAA ATT GC |
| B | HBPr 78 | TAC GGA CGG AAA CTG C |
| C | HBPr 153 | CT CTA CTT CCA GGA ACA G |
| | HBPr 154 | C TGC ACG ATT CCT GCT |
| | HBPr 204 | CT TTC GCA AGA TTC CTA TGG G |
| D | HBPr 165 | AC TCT ATG TAT CCC TCC T |
| | HBPr 208 | GC TGT ACC AAA CCT TCG GAT |
| E | HBPr 172 | G GGA CCC TGC CGA AC |
| | HBPr 213 | AG TGG TTC GCC GGG CTG G |
| F | HBPr 216 | CA GGA TCC ACG ACC ACC AGG |
| | HBPr 219 | GC TGT TCC AAA CCC TCG GAG |
| | HBPr 186 | G CCA AAT CTG TGC AGC |
| A/B | HBPr 148 | CT TTC GCA AAA TAC CTA TG |
| C/D/E | HBPr 80 | CTT CGG ACG GAA ATT GC |
| E/F | HBPr 177 | ATG TTG CTG TTC AAA ACC TG |

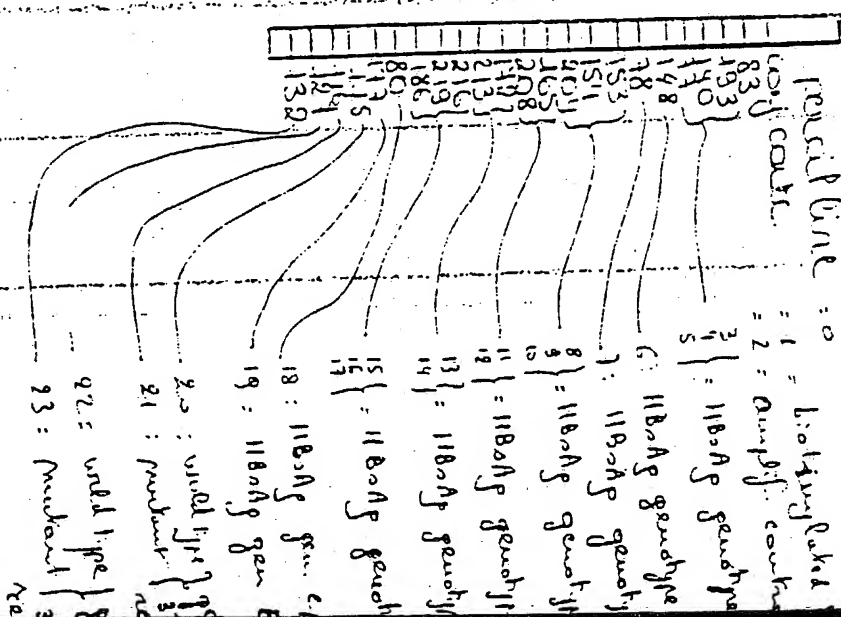
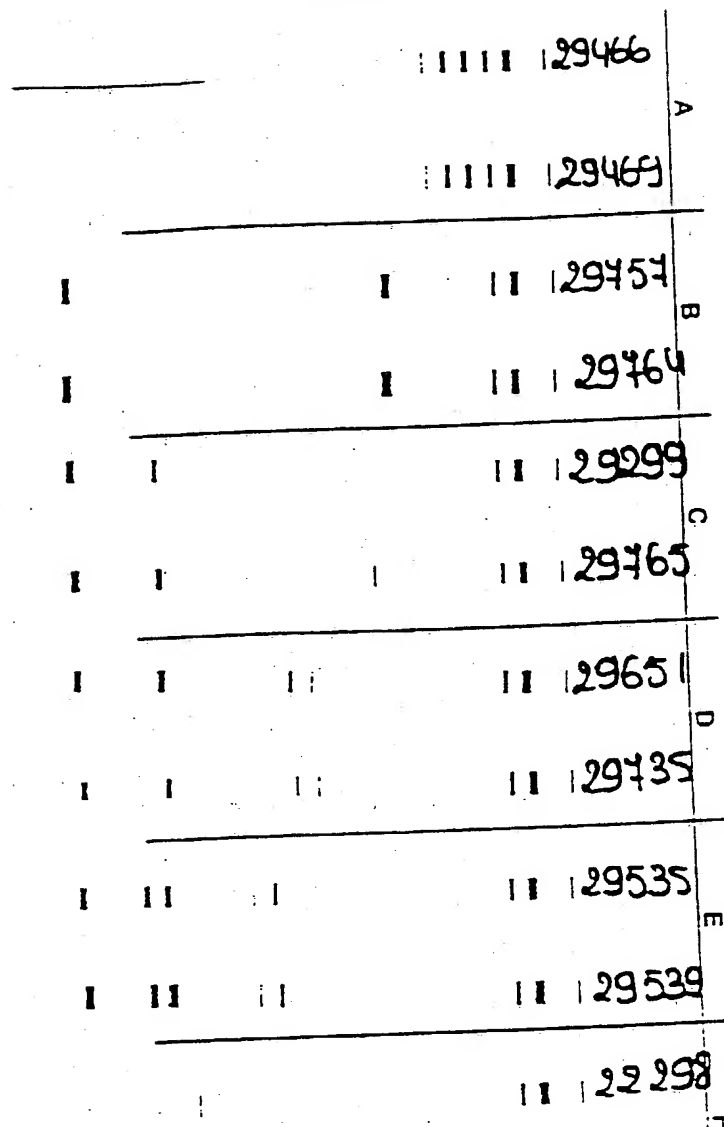
Drug resistance in RT pol gene

| Genotype | Oligo | Sequence | |
|----------|----------|---------------------------|-----------|
| A | HBPr 115 | TCA GCT ATA TGG ATG ATG | wild type |
| | HBPr 116 | TTC AGC TAT GTG GAT GAT | mutant |
| D | HBPr 127 | TC AGT TAT ATG GAT GAT G | wild type |
| | HBPr 132 | T TTC AGT TAT GTG GAT GAT | mutant |

PreCore region

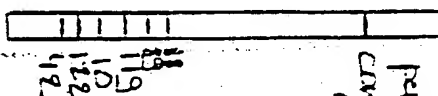
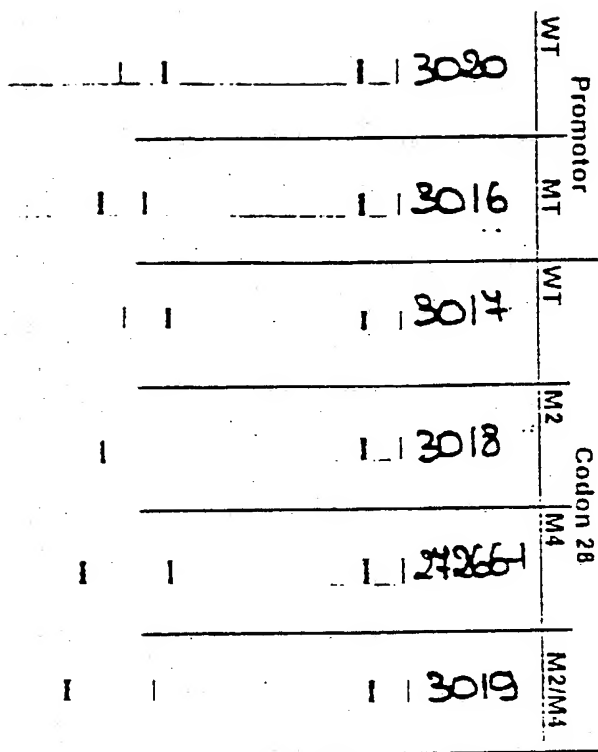
| Genotype | Oligo | Sequence | |
|----------|----------|-------------------------|--------------------|
| | HBPr 88 | TAG GTT AAA GGT CTT TGT | promoter wild type |
| | HBPr 89 | TAG GTT AAT GAT CTT TGT | promoter mutant |
| | HBPr 119 | TGG CTT TGG GGC ATG | wild type codon 28 |
| | HBPr 10 | TGG CTT TAG GGC ATG G | mutant M2 codon 28 |
| | HBPr 122 | TGG CTT TGG GAC ATG G | mutant M4 codon 29 |
| | HBPr 42 | TGG CTT TAG GAC ATG GA | mutant M2/M4 codon |

5 June 5



27/28

Figure 6



pencil line
cmf-confr

1.1A line

0 = Pencil Line
4 = Coding-Start DA

1 = Pencil Line
2 = Pencil Line
3 = Pencil Line
4 = Pencil Line
5 = Pencil Line
6 = Pencil Line
7 = Pencil Line
8 = Pencil Line
9 = Pencil Line
10 = Pencil Line
11 = Pencil Line
12 = Pencil Line
13 = Pencil Line
14 = Pencil Line
15 = Pencil Line
16 = Pencil Line
17 = Pencil Line
18 = Pencil Line
19 = Pencil Line
20 = Pencil Line
21 = Pencil Line
22 = Pencil Line
23 = Pencil Line
24 = Pencil Line
25 = Pencil Line
26 = Pencil Line
27 = Pencil Line
28 = Pencil Line
29 = Pencil Line
30 = Pencil Line
31 = Pencil Line
32 = Pencil Line
33 = Pencil Line
34 = Pencil Line
35 = Pencil Line
36 = Pencil Line
37 = Pencil Line
38 = Pencil Line
39 = Pencil Line
40 = Pencil Line
41 = Pencil Line
42 = Pencil Line
43 = Pencil Line
44 = Pencil Line
45 = Pencil Line
46 = Pencil Line
47 = Pencil Line
48 = Pencil Line
49 = Pencil Line
50 = Pencil Line
51 = Pencil Line
52 = Pencil Line
53 = Pencil Line
54 = Pencil Line
55 = Pencil Line
56 = Pencil Line
57 = Pencil Line
58 = Pencil Line
59 = Pencil Line
60 = Pencil Line
61 = Pencil Line
62 = Pencil Line
63 = Pencil Line
64 = Pencil Line
65 = Pencil Line
66 = Pencil Line
67 = Pencil Line
68 = Pencil Line
69 = Pencil Line
70 = Pencil Line
71 = Pencil Line
72 = Pencil Line
73 = Pencil Line
74 = Pencil Line
75 = Pencil Line
76 = Pencil Line
77 = Pencil Line
78 = Pencil Line
79 = Pencil Line
80 = Pencil Line
81 = Pencil Line
82 = Pencil Line
83 = Pencil Line
84 = Pencil Line
85 = Pencil Line
86 = Pencil Line
87 = Pencil Line
88 = Pencil Line
89 = Pencil Line
90 = Pencil Line
91 = Pencil Line
92 = Pencil Line
93 = Pencil Line
94 = Pencil Line
95 = Pencil Line
96 = Pencil Line
97 = Pencil Line
98 = Pencil Line
99 = Pencil Line
100 = Pencil Line

Figure 7

HBV infected patient treated with lamivudine

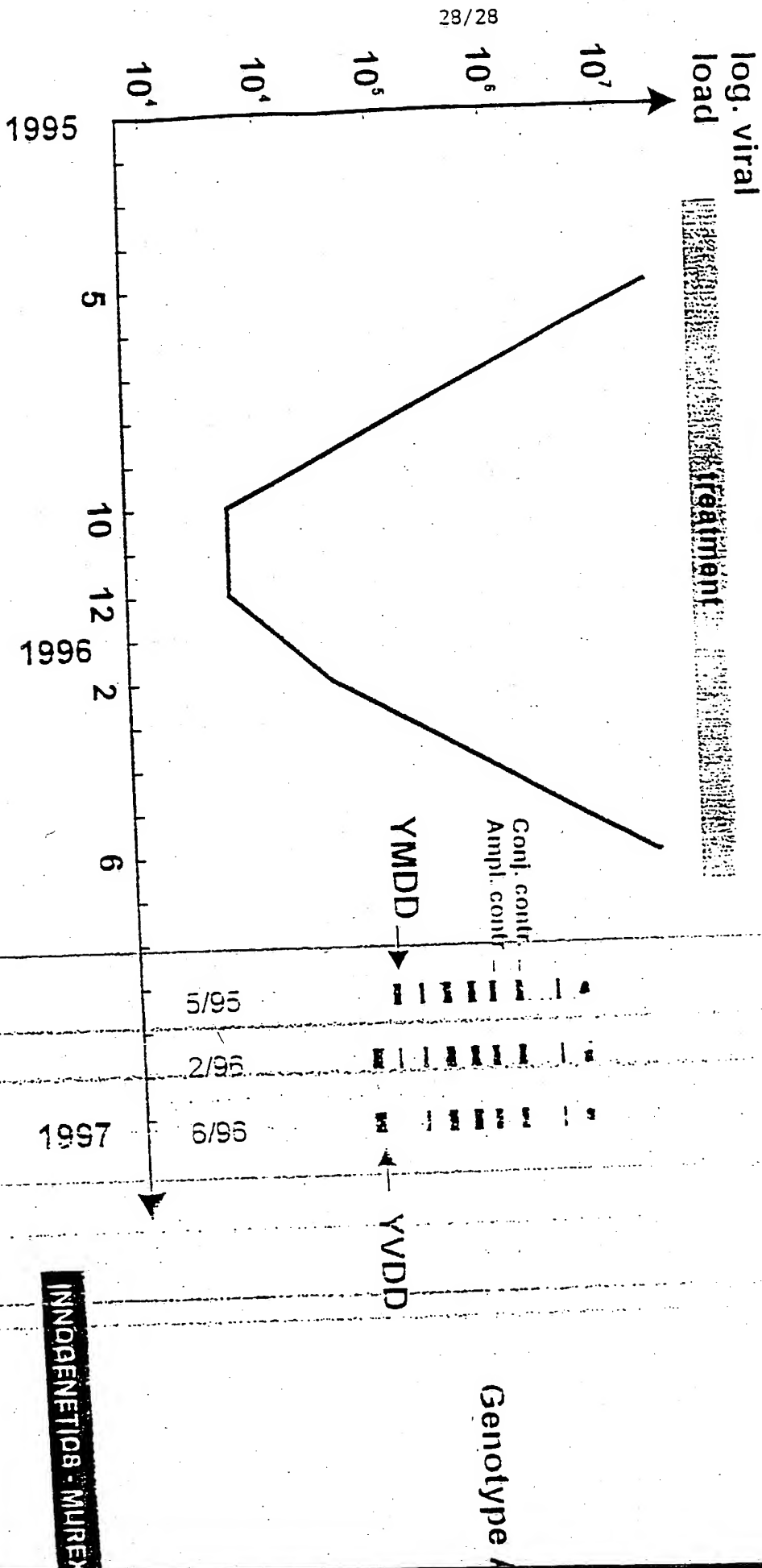


Figure 1

SEQ ID

NO 1

```

279 AATTCCACTGCCTTCCACCAAGCTCTGCAGGATCCCAAAGTCAGGGGTCT
280 -----G-----G-----
281 -----A-C---G-----
282 -----G-----
283 -----A-T-----A-----G-----C--
284 --C---CA-G-----A---T-A-----G-----C--
285 --C---CA-G-----A---T-A-----G-----C--
286 --C---CA-T-----A---T-A-----G-----C--
287 --C---CA-T-----A---T-A-----GG-----CC--
288 --C---CA-A-T-----TC---TA-----G---G---C--
289 --C---CA-A-T-----TC---TA-----G---G---C--
290 --C---AA-A-----TA-----G---G---C--
291 --C---AA-A-----TA-----G---G---C--
292 --C---AA-A-----TA-----G---G---C--
293 -----AA-A-----TA-----G---G---C--
294 --C---AA-A-----TA-C---G---G---C--
295 --C---AA-A-----TA-C---G---G---C--
296 --C---AA-A-----G---TA-----G---G---C--
297 --C---AA-A-----TA---A-G---G---C--
298 --C---CA-A-----TA-----G---G---C--
299 --C---AA-A---A-----G-----TC--
300 --C---AA-A---A-----TA-----G---G---C--
301 -----AA-----A---A-A-----//////////
302 --C---AA-----A-----A-----G---G---A---C--
303 --C---AA-T-----A-----A-----G---G---A---C--
304 --C---AA-----A-----A-----G---G---A---C--
305 --C---AA-----A-----A---A-G---G---A---C--
306 --C---AA-----A-----A-----G---G---A---C--
307 --C---AA-----A-----A-----G---G---A---C--
308 --C---AA-T-----A-----A-----GG---G---A---C--
309 --C---AA-A-T-T-----G---A---A---C--
310 -----AA-A-----G---A---A---C--
311 --C-A---CA-----TT-----GG---A---CA--
312 --C-A---CA-----G---TT-----G-GG---A---CA--
313 --C-A---CCAG-----TT-----GG---A---C--

```

2/71

SEQ ID

NO 51

HBPr 4

| | |
|-----|--|
| 279 | GTATCTTCCTGCTGGTGGCTCCAGTTCAGGAACAGTAAACCCTGCTCCGA |
| 280 | ----- |
| 281 | ---T----- |
| 282 | ----- |
| 283 | ---T-----C-C-----T--A- |
| 284 | ---CT-----T--A-- |
| 285 | ---CT-----T--A-- |
| 286 | ---CT-----G-----A-- |
| 287 | ---CT-----G-G-----A-- |
| 288 | A---T---C-----C-----T-G-- |
| 289 | A---T---C-----C-----T-- |
| 290 | A---T---C-----C-----T-- |
| 291 | A---T---C-----C-----T-- |
| 292 | A---T---C-----C-----T-- |
| 293 | A---T---C-----C-----T-- |
| 294 | A---CT---C-----C-----T-- |
| 295 | A---CT---C-----C-----T-- |
| 296 | A-----C-----G-----T-- |
| 297 | C---T-C---C-----C-----T-- |
| 298 | A---T---C-----C-----T-- |
| 299 | T---T---C-----C-----T-- |
| 300 | A---T---C-----C-----T-- |
| 301 | /////C-----T-- |
| 302 | ---T-C-----T-- |
| 303 | A---T-C-----T-- |
| 304 | ---T-C-----T--T-- |
| 305 | ---T-C-----T--T-- |
| 306 | ---C-----T-- |
| 307 | ---T-C-----T-- |
| 308 | ---T-C-----T-- |
| 309 | ---T---C-----G-----T-- |
| 310 | ---T---C-----G-----T-- |
| 311 | ---T---CAG----- |
| 312 | ---T---C-GCAG----- |
| 313 | ---CT-C---G-CAG----- |

SEQ ID

NO 101

```

279 ATATTGCCTCTCACATCTCGTCAATCTCCGCGAGGACTGGGGACCCTGTG
280 -----
281 -----C-----
282 -----
283 C-----T-----T-----CA
284 -C-C-----TC--A-----TAT--C-----
285 -C-C--T---TC--A-----TAT--A-----
286 ---C--T---AGC--A-----TAT--A-----
287 ---C--T---GC--A-----TAT--A-----A
288 C--C-----A-C--A-----T-----CA
289 C--C-----A-C--A-----T-----CA
290 C--C--T---A-C--A-----T-T-----CA
291 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
292 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
293 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
294 C--C-----A-C--A-----T-----CA
295 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
296 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
297 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
298 C--C-----A-C--A-----T-T-----C-
299 C--C-----T--T-----T-T-----T-----A
300 C--C-----T--T-----T-T-----T-----A
301 C--C--T---A-----T-A-----T-----CA
302 C--C-----T-A-----T-T-----T-----C-
303 C--C-----C-T-A-----T-T-----T-----
304 C--C-----C-T-A-----T-----CA
305 C--C-----C-T-A-----
306 C--C--T---C--A-----T-T-----T-----C-
307 C--C--T---C--A-----T-T-----T-----C-
308 C--C-----C--A-----T-T-----T-----CA
309 C--C-----A-T-----T-T-----T-----CA
310 C--C-----A-T-----T-T-----T-----CA
311 C-----T--CA--A-----T--A-----G-----CT
312 C-----T--CA--A-----T--A-----G-----CT
313 C-----T--CA--A-----T-T--A-----G-----CT

```

| SEQ ID | |
|--------|--|
| NO 151 | Start HBsAg |
| 279 | ACGAACATCGAGAACATCACATCAGGATTCCTAGGACCCCTGCTCGTGTT |
| 280 | ----T----- |
| 281 | -----C----- |
| 282 | ----- |
| 283 | C----- |
| 284 | C-----G-----C----- |
| 285 | C-----G-----C----- |
| 286 | C-----G-----C----- |
| 287 | C-----G-----C----- |
| 288 | C-----G-CA----- |
| 289 | C-----G-CA----- |
| 290 | C-----G-CA----- |
| 291 | C-----G-CA----- |
| 292 | C-----G-CA----- |
| 293 | C-----CA----- |
| 294 | C-----CA----- |
| 295 | C-----CA----- |
| 296 | C-----CA----- |
| 297 | C-----G-CA----- |
| 298 | C-----CA----- |
| 299 | -----CA----- |
| 300 | -----CA----- |
| 301 | CT----- |
| 302 | CT-----T----- |
| 303 | ----T----- |
| 304 | CT----- |
| 305 | ----T----- |
| 306 | CT----- |
| 307 | CT----- |
| 308 | CT----- |
| 309 | C-----A-G----- |
| 310 | C-----A-G----- |
| 311 | -T-----C-----G----- |
| 312 | -T-----C-----C----- |
| 313 | -T-----C-----T-----C----- |

5/71

SEQ ID

NO 201

```
279 ACAGGCGGGGTTTTCTTGTTGACAAGAATCCTCACAATACCGCAGAGTC
280 -----
281 -----
282 -----C-----
283 -----
284 -----C-----A-----T-T-----
285 -----A-----A-----
286 -----A-----A-----
287 -----A-----A-----
288 -----A-----
289 -----A-----
290 -----A-----
291 -----A-----
292 -----A-----
293 -----A-----
294 -----A-----
295 -----A-----
296 -----A-----
297 -----A-----
298 -----A-----
299 -----A-----A-----
300 -----A-----
301 -----
302 -----
303 -----
304 -----
305 -G-----A-----A-----
306 -----A-----A-----
307 -----
308 -----
309 -----A-----
310 -----A-----
311 -----T-G-----A-----A-----
312 -----T-G-----A-----A-----
313 -----T-G-----A-----A-----
```

SEQ ID

NO 251

```

279 TAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAATTTTCTAGGGGGGTCACCCGTGTGT
280 -----A-----
281 -----A-----
282 -----C
283 -----AG-----
284 -----AAA-----
285 -----AA-----
286 -----AA-----
287 -----AA-----
288 -----AG-----AC-----
289 -----AG-----AC-----
290 -----AG-----AC-----
291 -----AG-----AC-----
292 -----AG-----AC-----
293 -----AG-----AC-----
294 -----AG-----AC-----
295 --C-----CAG-----AC-----
296 -----AG-----AC-----
297 -----T-----AA-----AA-----
298 -----///-----AG-----AC-----
299 -----AG-----
300 -----G-----AAG-----AAG-----
301 -----AA-TA-----
302 -----AA-TA-----
303 -----G-----AA-TA-----
304 -----AA-TA-----
305 -----AA-TA-----
306 -----AA-CA-----
307 -----AA-TA-----
308 -----AA-CA-----
309 -----AG-T-----
310 -----AG-T-----
311 -----ACT-----AG-----
312 -----ACT-----G-----
313 -----ACT-----G-----

```

7/71

SEQ ID

NO 301

279 CTTGGCCAAAATTTCGCAGTCCCCAACCTCCAATCACTCACCAACCTCCTG

280 -----

281 -----GA-----

282 -----

283 -----

284 -----A-T-----G-----T-GT--

285 -----A-T-----G-----T-GT--

286 -----A-T-----G-----GT--

287 -----A-T-----G-----GT--

288 -C-----T--

289 -C-----T--

290 -C-----T--

291 -C-----T--

292 -C-----T--

293 -C-----T--

294 -C-----T--

295 -----T--

296 -C-----C-----T--

297 -C-----T--

298 -C-----T--

299 -C-----T--

300 -C-----T--

301 -----

302 -----

303 -----

304 -----T--

305 -----C-----

306 -----

307 -----

308 -----

309 -----T--

310 -----G-----T--

311 -C-----T--

312 -C-----T--

313 -C-----T--

SEQ ID

NO 351

279 TCCTCCAATTTGTCCTGGTTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTTATCA

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----

284 -----G-----

285 -----G-----

286 -----

287 -----

288 -----C-----

289 -----C-----

290 -----

291 -----C-----

292 -----C-----C-----

293 -----C-----C-----

294 -----C-----C-----

295 -----T-----

296 -----C-----

297 -----C-----C-----

298 -----C-----

299 -----C-----

300 -----C-----

301 -----C-----

302 -----C-----

303 -----C-----G-----

304 -----C-----

305 -----

306 -----C-----

307 -----C-----

308 -----C-----

309 -----C-----

310 -----C-----

311 -----C-----C-----T-----

312 -----C-----C-----T-----

313 -----C-----C-----T-----

9/71

SEQ ID

NO 401

279 TATTCCTCTTCATCCTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGTTGGTTCTTCTG
280 -----A-----
281 -----A-----
282 -----A-----
283 -----A-----
284 -C-----G-----
285 -C-----G-----
286 -C-----G-----
287 -C-----G-----
288 -----
289 -----
290 -----
291 -----
292 -----
293 -----
294 -----
295 -----
296 -----
297 -----C-----
298 -----
299 -C-----
300 -C-----
301 -C-----
302 -C-----
303 -C-----
304 -C-----
305 -----
306 -C-----
307 -C-----
308 -C-----T-----A-----
309 -C-----
310 -C-----
311 -C-----
312 -C-----
313 -C-----

10/71

SEQ ID

NO 451

HBPr75

| | | |
|-----|--|-----------------------|
| 279 | GATTATCAAGGTATGTTGCCCGTTTGTCCCTCTAATTCAGGATCAACAAC | |
| 280 | ----- | ----- |
| 281 | ----- | -----T----- |
| 282 | ----- | -----A----- |
| 283 | ----- | ----- |
| 284 | --C----- | -----T----- |
| 285 | --C----- | -----T----- |
| 286 | --C----- | -----T----- |
| 287 | --C----- | -----T----- |
| 288 | --C-C----- | -----C-----A-T----- |
| 289 | --C-C----- | -----C-----A-T----- |
| 290 | --C-C----- | -----C-----A-T----- |
| 291 | --C-C----- | -----C-----A-T----- |
| 292 | --C-C----- | -----C-----A-T----- |
| 293 | --C-C----- | -----C-----A-T----- |
| 294 | --C-C----- | -----C-----A-T----- |
| 295 | --C-C-----T-T----- | -----C-----A-A-T----- |
| 296 | --C-C----- | -----C-----A-T----- |
| 297 | --C-CA----- | -----C-----A-T----- |
| 298 | --C-C----- | -----C-----A-T----- |
| 299 | --C-C----- | -----C-----A-T----- |
| 300 | --C-C----- | -----C-----A-T----- |
| 301 | --C----- | -----TT----- |
| 302 | --C----- | -----CT----- |
| 303 | --G-----A----- | -----A----- |
| 304 | --C----- | -----TT----- |
| 305 | --C----- | -----TA-TT----- |
| 306 | --C----- | -----G-----TT----- |
| 307 | --C----- | -----TT----- |
| 308 | --C-----G----- | -----TT----- |
| 309 | --C----- | -----T----- |
| 310 | --C----- | -----T----- |
| 311 | --C-C----- | -----C-----C-G----- |
| 312 | --C----- | -----T-G----- |
| 313 | --C----- | -----C-G----- |

11/71

SEQ ID

NO 501

279 AACCAGTACGGGACCATGCAAAACCTGCACGACTCCTGCTCAAGGCAACT

280 -----¹⁹³-----
281 -----
282 -----
283 -----C-----C-----
284 C-----C-A-----A-C-
285 C-----C-C-----A-C-
286 C-----C-----G-----A-----A-C-
287 -----C-C-----A-----¹⁵⁴-----A-C-
288 C-----C-----G-----T-----A-C-
289 C-----C-----G-----T-----A-C-
290 T-----C-----G-----T-----A-C-
291 T-----C-----G-----T-----A-C-
292 T-----C-----G-----T-----A-C-
293 C-----C-----G-----G-----T-----A-C-
294 T-----C-----G-----T-----A-C-
295 T-----C-----G-----T-----A-C-
296 T-----C-----G-----T-----A-C-
297 T-----C-----G-----T-----AA-C-
298 T-----C-----G-----T-----A-C-
299 T-----C-----G-----T-----A-C-
300 T-----C-----G-----T-----A-C-
301 C-----C-----GG-----
302 C-----C-----CG-----A-C-
303 -----
304 -----C-----G-----A-C-
305 -----C-----G-----A-C-
306 C-----C-----G-----A-C-
307 T-----C-----G-----A-C-
308 C-----CG-----G-----A-----A-C-
309 C-----C-----C-----CG-----¹⁷²-----T-----T-----A-C-
310 C-----C-----C-----CG-----T-----A-C-
311 C-----²¹⁶-----AG-----T-----A-C-
312 C-----C-----A-----T-----A-C-
313 C-----C-----C-----A-----T-----A-----A-C-

12/71

SEQ ID

NO 551

codon 145

279 CTATGTTTCCCTCATGTTGCTGTACAAAACCTACGGATGGAAATTGCACC

280 ---A---140

281 ---T---

282 ---T---

283 ---T---

284 ---T---

285 ---T---

286 ---T---

287 ---T---

288 ---T---

289 ---T---

290 ---T---

291 ---T---

292 ---T---

293 ---T---

294 ---T---

295 ---T---

296 ---T---

297 ---T---

300 ---T---

301 ---T---

302 ---T---

303 ---T---

304 ---T---

305 ---T---

306 ---T---

307 ---T---

308 ---T---

309 ---T---

310 ---T---

311 ---T---

312 ---T---

313 ---T---

13/71

SEQ ID

NO 601

codon 514

codon 521

279 TGTATTCCCATCCCATCGTCCTGGGCTTTTCGCAAAATACCTATGGGAGTG

280 -----

281 -----T-----

282 -----148-----C-----

283 -----A-T-----

284 -----A-T-----

285 -----A-T-----

286 -----A-T-----

287 -----A-T-----204-----

288 -----A-----G-T-----G-----

289 -----A-----G-T-----G-----

290 -----A-----G-T-----

291 -----A-----G-T-----

292 -----A-----G-T-----

293 -----A-----G-T-----

294 -----A-----G-T-----G-----

295 -----A-T-----G-T-----

296 -----A-----G-T-----

297 -----A-----G-T-----

298 -----G-A-T-----G-T-----

299 -----A-----T-G-T-----

300 -----A-----T-G-T-----

301 -----A-T-----G-----T-----

302 -----A-----G-----T-----

303 -----T-----

304 -----A-T-----G-----T-----

305 -----A-T-----G-----T-----C-----

306 -----A-----G-----T-----

307 -----A-----G-----T-----

308 -----A-----G-----T-----

309 -----A-A-----G-----T-----

310 -----A-A-----G-----T-----

311 -----A-T-----A-G-----

312 -----A-T-----A-G-----

313 -----A-----A-G-----

14/71

SEQ ID

NO 651

codon 525 codon 528

279 GGCCTCAGTCCGTTTCTCTTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTGTTTCAGT

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----

284 -----

285 -----

286 -----

287 -----

288 -----C-----

289 -----C-----

290 -----C-----

291 -----C-----

292 -----C-----

293 -----C-----

294 -----C-----

295 -----C-----

296 -----C-----

297 -----C-----

298 -----C-----

299 -----C-----C-----

300 -----C-----C-----

301 -----C-----C-----

302 -----C-----C-----

303 -----C-----C-----

304 -----C-----C-----

305 -----C-----C-----

306 -----C-----C-----

307 -----C-----C-----

308 -----C-----C-----

309 -----C-----C-----

310 -----C-----C-----

311 -----C-----C-----A-----

312 -----C-----C-----A-----

313 -----C-----C-----A-----

15/71

| SEQ | ID |
|-----|-----|
| 1 | 1 |
| 2 | 2 |
| 3 | 3 |
| 4 | 4 |
| 5 | 5 |
| 6 | 6 |
| 7 | 7 |
| 8 | 8 |
| 9 | 9 |
| 10 | 10 |
| 11 | 11 |
| 12 | 12 |
| 13 | 13 |
| 14 | 14 |
| 15 | 15 |
| 16 | 16 |
| 17 | 17 |
| 18 | 18 |
| 19 | 19 |
| 20 | 20 |
| 21 | 21 |
| 22 | 22 |
| 23 | 23 |
| 24 | 24 |
| 25 | 25 |
| 26 | 26 |
| 27 | 27 |
| 28 | 28 |
| 29 | 29 |
| 30 | 30 |
| 31 | 31 |
| 32 | 32 |
| 33 | 33 |
| 34 | 34 |
| 35 | 35 |
| 36 | 36 |
| 37 | 37 |
| 38 | 38 |
| 39 | 39 |
| 40 | 40 |
| 41 | 41 |
| 42 | 42 |
| 43 | 43 |
| 44 | 44 |
| 45 | 45 |
| 46 | 46 |
| 47 | 47 |
| 48 | 48 |
| 49 | 49 |
| 50 | 50 |
| 51 | 51 |
| 52 | 52 |
| 53 | 53 |
| 54 | 54 |
| 55 | 55 |
| 56 | 56 |
| 57 | 57 |
| 58 | 58 |
| 59 | 59 |
| 60 | 60 |
| 61 | 61 |
| 62 | 62 |
| 63 | 63 |
| 64 | 64 |
| 65 | 65 |
| 66 | 66 |
| 67 | 67 |
| 68 | 68 |
| 69 | 69 |
| 70 | 70 |
| 71 | 71 |
| 72 | 72 |
| 73 | 73 |
| 74 | 74 |
| 75 | 75 |
| 76 | 76 |
| 77 | 77 |
| 78 | 78 |
| 79 | 79 |
| 80 | 80 |
| 81 | 81 |
| 82 | 82 |
| 83 | 83 |
| 84 | 84 |
| 85 | 85 |
| 86 | 86 |
| 87 | 87 |
| 88 | 88 |
| 89 | 89 |
| 90 | 90 |
| 91 | 91 |
| 92 | 92 |
| 93 | 93 |
| 94 | 94 |
| 95 | 95 |
| 96 | 96 |
| 97 | 97 |
| 98 | 98 |
| 99 | 99 |
| 100 | 100 |

NO 701

HBPr 76

codon 552

| Line | Sequence | Position | Base |
|------|--|----------|------|
| 279 | GGTTCGTAAGGGCTTTCCCCCACTGTTTGGCTTTTCAGCTATATGGATGATG | 116 | T |
| 280 | ----- | 96 | T |
| 281 | ----- | 97 | T |
| 282 | ----- | 115 | T |
| 283 | ----- | 98 | T |
| 284 | -----C----- | 99 | T |
| 285 | -----C----- | 100 | T |
| 286 | -----C----- | 101 | T |
| 287 | -----C----- | 102 | T |
| 288 | ----- | 103 | T |
| 289 | ----- | 104 | T |
| 290 | -----C----- | 105 | T |
| 291 | -----C----- | 106 | T |
| 292 | ----- | 107 | T |
| 293 | ----- | 108 | T |
| 294 | ----- | 109 | T |
| 295 | ----- | 110 | T |
| 296 | ----- | 111 | T |
| 297 | ---CT-C----- | 112 | T |
| 298 | ---C----- | 113 | T |
| 299 | ----- | 114 | T |
| 300 | ----- | 115 | T |
| 301 | ----- | 116 | T |
| 302 | ----- | 117 | T |
| 303 | ----- | 118 | T |
| 304 | ----- | 119 | T |
| 305 | ----- | 120 | T |
| 306 | ----- | 121 | T |
| 307 | ----- | 122 | T |
| 308 | ----- | 123 | T |
| 309 | ---CC----- | 124 | T |
| 310 | ---CC----- | 125 | T |
| 311 | ---G----- | 126 | T |
| 312 | ---G----- | 127 | T |
| 313 | ---G-C----- | 128 | T |

16/71

SEQ ID

NO 751

HBPr 94

| | |
|-----|--|
| 279 | TGGTATTGGGGGCCAAGACTGTACAGCATCGTGAGTCCCTTTATACCGCT |
| 280 | -----T----- |
| 281 | -----T-----T----- |
| 282 | -----T-----G----- |
| 283 | ---C-----T---A---T----- |
| 284 | ---T-----T---A---T-----G----- |
| 285 | ---T-----T---A---T-----G----- |
| 286 | -----T---A---T-----G----- |
| 287 | ---T-----T---A---T-----G----- |
| 288 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 289 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 290 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 291 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 292 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 293 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 294 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 295 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 296 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 297 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 298 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 299 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 300 | -----T---A---T-----T---T----- |
| 301 | -----T-----T-----T----- |
| 302 | -----T-----T-----T----- |
| 303 | -----T-----T-----T----- |
| 304 | -----T-----T-----T----- |
| 305 | -----T----- |
| 306 | -----A---T---C---T-----T----- |
| 307 | -----T-----T-----T----- |
| 308 | -----T-----T-----T----- |
| 309 | -----T---GA---T-----T----- |
| 310 | -----T---A---T-----T----- |
| 311 | -----AT---G-----T----- |
| 312 | -----A---AT---G-----T----- |
| 313 | -----AT---G-----T----- |

17/71

| SEQ ID | | End of HBsAg |
|--------|--|--------------|
| NO 801 | | |
| 279 | GTTACCAATTTTCTTTTGTCTCTGGGTATACATTTAAACCCTAACAAAAC | |
| 280 | ----- | |
| 281 | ----- | |
| 282 | ----- | |
| 283 | -----T----- | |
| 284 | -----T-----C-G----- | |
| 285 | -----T-----C-G----- | |
| 286 | -----T----- | |
| 287 | -----T-----C----- | |
| 288 | A-----T-----G-----T----- | |
| 289 | A-----T-----G-----T----- | |
| 290 | A-----T-----G-----T----- | |
| 291 | A-----T-----G-----T----- | |
| 292 | A-----T-----G-----T----- | |
| 293 | A-----T----- | |
| 294 | A-----T----- | |
| 295 | A-----T-----G-----C-T----- | |
| 296 | A-----T-----G-----C-T----- | |
| 297 | A-----A-G-----T-----C-----G-----T----- | |
| 298 | A-----G-----T-----G-----T----- | |
| 299 | A-----T----- | |
| 300 | A-----T-----G-----T-G----- | |
| 301 | -----T-----C----- | |
| 302 | -----T----- | |
| 303 | -----T----- | |
| 304 | ----- | |
| 305 | ----- | |
| 306 | -----T-----C----- | |
| 307 | -----C-----T----- | |
| 308 | -----T----- | |
| 309 | -----T-----T-C----- | |
| 310 | -----T-----T-C----- | |
| 311 | -----G-A-G-----C-----TA-GCT----- | |
| 312 | -----G-A-G-----C-----G-----TA-CTCT----- | |
| 313 | -----G-A-G-----C-----TA-CTCT----- | |

SEQ ID

NO 851

```

279 AAAAAGATGGGGTTATTCCCTAAACTTCATGGTCTACATAATTGGAAGTT
280 -----G-----
281 -----GT--TG-----
282 -----GT---G-----
283 ---G-----G--T-----GT--TG-----
284 -----C-C---T-----GG--TG-----
285 -----C-C---C-----GG--TG-----
286 -----A-----T-----GA--TG-----G-----
287 -----A-----T-----GA--TG-----G--C-----
288 C---C-T---C-C---T-----GA--TG-----C-----
289 C---C-T---C-C---T-----GA--TG-----C-----
290 C---C-T---C-C---T-----GA--TG-----
291 C---C-T---C-C---T-----GA--TG-----
292 C---C-T---C-C---T-----GA--TG-----
293 C---C-T---C-C---T-----GA--TG-----
294 C---C-T---C-C---T-----GA--TG-----T-----
295 C---C-T---C-----T-T-----GA--TG-----T-----
296 C---C-T---C-C---T-----GA--TG-----
297 C--GC-T---C-C---T-----GA--TG-----
298 C---C-T---C-C---T-----GA--TG-----
299 C-----C-----T-----G--TG-----
300 C-----C-----T-----G--TG-----
301 -----C--TT--C-----G--TG-C-----T-----
302 ---G-----C--T---T-T---G--TG-C-----T-----
303 ---G-----C--TT--C-T---G--TG-C-----T-----
304 -----GT-----
305 -----GT-----
306 -----C--TT--C-T--T---G--TG-C-----T-----
307 -----C--TT--C-T---G--TG-C-----T-----
308 T--G-----C--TT--C-T---G--TG-C-----
309 -----A-----T-----GT--TG-----
310 -----C-----T--T-----GT--TG-----
311 -----CAA---C-T---GT--TG-T-----T-----
312 -----CAATT--C-T---GT--TG-C-----C-----
313 -----C-----C-T--T---GT--TG-C-----T-----

```

19/71

SEQ ID

NO 901

279 GGGGAACATTGCCACAGGATCATATTGTACAAAAGATCAAACACTGTTTT
280 -----T-----
281 -----A-----
282 -----C-----
283 -----A-----
284 ---G-C-A-C-A-A-----GTTG-A-----A-----
285 ---C-C-A-C-A-A-----GTTG-AC-----A-C---
286 ---C---G-----CT-----TA-----
287 ---C-----A-----A-----ATG-G---
288 ---T-T-A-G-A-A-----T-A---G-A-----
289 ---T-T-A-G-A-A-----T-A---G-A-----
290 ---T-T-A-----A-----TT-AC---G-A-----
291 ---T-T-A-----A-----TT-AC---G-A-----
292 ---T-T-A-G---A-----AC---G-A-----
293 ---T-T-A-G---A-----T-AC---G-A-----
294 ---T-T-A-G-A-A-----T-A---G-A-----
295 ---T-T-A-G-A-A-----T-A---G-A-----
296 ---T-T-A-----A-----T-A---G-A-----
297 ---T-T-A-----A-A-----AC---G-A-----
298 ---T-G-A-----A-----A---G-A-----
299 ---T-C-A-----A-A-----T-A---C-A-----
300 ---T-C-A-----A-A-----T-A---A-----
301 AT-GT-----A---C-CAG---G-A---G-A-----
302 AT-GT-C-----A-A-C-CA-----A---G-A-----
303 AT-GT-C-----A-A-C-CA-----A---G-A-----
304 -----G-----A-----G-A-----
305 -----G-----
306 AT-GT-T-----A---C-CA---G-A---G-A-----
307 AT-GT-----A---C-CA---G-A---G-A-C---
308 AT-GT-----A---C-CA---G-A---G-A-----
309 ---GT---A-----A-C-CA-----A-----
310 ---CT---A-----A-C-CA-----A---G-----
311 ---G-A-C-A-----C-A---G-T-----
312 ---G---A-C-A-----C-A---G-A-----
313 ---T---A-C-A---C-----C-A---GG-A-C---

20/71

SEQ ID

NO 951

279 AGAAAACTTCCTGTTAACAGGCCTATTGATTGGAAAGTATGTCAAAGAAT
280 -----
281 -----
282 -----G-----
283 -----TC-A-----G-C-
284 --G-----A-----C-
285 -----A---A-----G-G---C-
286 -----A-----T---C-
287 --G-----A-----C-
288 C-G----G----A-T-A-----C-----
289 C-G----G----A-T-A-----C-----
290 C-----G----A-T-A-----
291 C-G----G----A-T-A-----
292 C----T-G----A-T-A-----
293 C----T-G----A-T-C-----
294 C-----G----A-T-A-----G-C-
295 C-----G----A-T-A-----G-
296 C-G-G-G----A-T-A-----G-
297 C-----G----C-T-A-----G-
298 C-G----G----A-T-A-----
299 C-----T-----G-----
300 C-----A-T-----G-C-C-----
301 -----GC-----C-----
302 -----C-----
303 -----G-----C-
304 -----G-----C-
305 -----C-----C-T-
306 -----C-----C-T-
307 -----C-----C-T-
308 -----A-----G-----
309 G-----C-----C-----
310 -----C-----C-----
311 C----G-----A-TC-C-A-----T-----T-
312 C----G-----A-TC-T-A-----C-----T-----C-T-
313 C-----G-----A-TC-T-A-----T-----C-C-

21/71

SEQ ID

NO 1001

279 TGTGGGTCTTTTGGGCTTTGCTGCTCCATTTACTCAATGTGGATATCCTG

280 -----A-----
281 -----T-----A-----
282 -----T-----A-----
283 --A-----A-----C-----A-----T-C-----
284 -----A-----T-C-A-----
285 -----A-----T-C-A-----T-----
286 -----G-----C-T-----G-----
287 -----G-----C-C-T-C-G-----
288 -----C-T-----A-----C-----
289 -----C-T-----A-----C-----
290 -----C-T-----A-----C-----
291 -----C-T-----A-----C-----
292 -----C-T-----A-----C-----
293 -----C-T-----A-----C-C-----
294 -----C-T-----A-----C-----
295 -----C-T-----A-----C-----
296 -----C-T-----A-----C-----
297 -----A-----C-T-----A-----C-----
298 -----C-T-----A-----T-----
299 -----C-T-----A-----G-----
300 -----A-----C-T-----A-----
301 -----T-A-----T-----C-T-----A-----T-----
302 -----T-----C-T-----T-----
303 -----A-T-----C-T-C-A-----T-----
304 -----A-----
305 -----T-----A-----T-----
306 -----A-----T-----A-----T-----
307 -----T-----C-T-----A-----T-----
308 -----T-----C-T-----A-----T-----
309 -----C-T-----A-----G-----
310 -----C-C-----A-----
311 -----G-C-T-----C-----T-----
312 -----A-----T-----C-----T-----
313 A-----C-T-C-C-----C-T-----

22/71

SEQ ID

NO 1051

```
279 CCTTAATGCCTTTGTATGCATGTATACAAGCTAAACAGGCTTTCACCTTC
280 -----
281 -----C-----
282 -----T-----
283 -A-----G-----T-----
284 -T-----A-----T-----T
285 -T-----A-----T-----T
286 -T-----A-----A-----T-----
287 -T-----A-----A-----T-----
288 -----A-----T-----G-----
289 -----A-----T-----G-----
290 ---G-----T-----G-----
291 ---G-----A-----T-----G-----
292 ---G-----A-----T-----G-----
293 ---G-----A-----T-----G-----
294 -----A-----T-----G-----
295 ---G-----A-----T-----G-A-----
296 ---G-----A-----T-----G-----
297 ---G-----A---C-----T-----G-----
298 ---G-----A-----G-----T-----
299 -----C-----C-----T-----G-----
300 -----T-----G-A-----T-----
301 -G-G-----T-T-----G-----
302 -T-----C-----T-T-----G-----
303 -T-----C-----T-T-TT-----G-----
304 -----C-----
305 -----C-----
306 -T-----C-----T-T-----G-----
307 -T-----T-GT-G-G-----T-----
308 -T-----C-----C-----T-T-----
309 -T-----C---A-G-----T-T-----G-----
310 -T-----C-----CT-T-----G-----
311 -TC-C-----C-----TACT-----TGTC-----
312 -TC-C-----C---AAC-----CACT-G-----TGTC-T
313 -TC-C-----C-----C-----TACT-----TGTC-----
```

23/71

SEQ ID

NO 1101

279 TCGCCAACTTACAAGGCCTTTCTAAGTAAACAGTACATGAACCTTTACCC

280 -----

281 -----

282 -----C-----

283 -----T-----

284 -----G-T-----AC-----A-TC-----

285 -----G-T-----CC-----A-TC-----

286 -----C-----T---C-----

287 -----C-----TC-----

288 -----GT-----A-TC-C-----

289 -----GT-----A-TC-C-----

290 -----T-----GT-C---A--C-C-----

291 -----T-----GT-C---A--C-C-----

292 -----GT-----A-TC-A-----

293 -----T-----GT-----A-TC-----

294 -----GT-----A-TC-----

295 -----GT-----A-TC-----

296 -----GT-----A-TC-C-----

297 -----GT-----A-TC-----

298 ---T-----GT-----A-TC-C-----

299 -----T-----GT-----A-TC-----

300 ---T-----A-----GT-----A-TC-----

301 -----GT-----A--C-----

302 -----GT-----A--C-----

303 -----GT-----A--C-----

304 -----

305 -----

306 -----GT-----A--C-----

307 -----GT-----A--C-----

308 -----GT-----A--C-----

309 -----GT-----A--C-----

310 -----GT-----A--C-----

311 -----GT-----A-----

312 -----CT-----

313 -----C-----GT-----A-----

24/71

SEQ ID

NO 1151

```
279 CGTTGCTCGGCAACGGCCTGGTCTGTGCCAAGTGTTTGCTGACGCAACCC
280 -----
281 -----A-----T-----
282 -----
283 -----C-----
284 -----A-----
285 -----A-----
286 -----
287 -----A-----
288 -----C-----G-AC-G--C///-C-----A-----
289 -----C-----G-AC-G--C///-C-----A-----
290 -----C-----T-A-----C-----
291 -----C-----T-A-----C-----G-----
292 -----C-----T-A-----C-----
293 -----C-----T-A-----C-----
294 -----C-----T-A-----C-----
295 -----C-----T-A-----C-----
296 -----C-----T-A-----C-----
297 -----C-----T-A--C--C-----T-----
298 -----C-----T-A-----C-----
299 -----C-----T-----T-----
300 -----C-----T-----C-----
301 -----C-----A-----
302 -----CG-----A-----A-----
303 -----C-----A-----A-----
304 -----
305 -----
306 -----C-----C--A-----
307 -----C-----A-----
308 -----A-----A-----
309 -----C-----A-----T-----
310 -----C-----A-----T-----
311 -----A--C-----
312 -----A--C-----
313 G-----A--C-----
```

25/71

SEQ ID

NO 1201

```
279 CCACTGGCTGGGGCTTGGCCATAGGCCATCAGCGCATGCGTGGAACCTTT
280 -----A-----
281 -----C-----
282 -----A-----
283 -----C-----A-----
284 -----G-----
285 -----
286 -----T-----
287 -----T-----
288 -----A-----G-----
289 -----A-----G-----
290 -----A-----G-----
291 -----A-----G-----
292 -----G-T-----G-----
293 -----A-----G-----
294 -----A-----T-C-----AGC-----C-/-
295 -----A-----T-T-----GC-----
296 -----A-----T-----ATC-G-----
297 -----A-----T-----
298 -----A-----G-----
299 -----G-----
300 -----T-A-----
301 -----T-G-----
302 -----T-G-----
303 -----GT-G-----
304 -----A-A-----A-----
305 -----ATAG-----
306 -----T-G-----
307 -----T-G-----
308 -----T-G-----
309 -----AT-----C-----
310 -----AT-----C-----
311 -----
312 -----T-----T-----
313 -----T-----T-----
```

26/71

SEQ ID

NO 1251

279 GTGGCTCCTCTGCCGATCCATACTGCGGAACTCCTAGCCGCTTGTTTTGC

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----A-----

284 ---T-----T-----A-----

285 ---T-----

286 ---T-----

287 ---T-----

288 -----A-----

289 -----A-----

290 ----T-----A-----

291 -----A-----

292 -----A-----

293 -----A-----

294 -----A-----

295 -----G-A-C-----

296 -----A-----

297 -----A-----

298 -----A-----

299 -----G-----

300 -----A-----

301 CG-----

302 TC-----

303 TC-----C-----

304 -----

305 -A-----

306 CA-----

307 C-----G-----

308 C-----

309 -----

310 -----

311 -----T-A-----C-C-----

312 -----T-A-----C-C-----

313 -----A-----C-----

27/71

SEQ ID

NO 1301

```
279 TCGCAGCCGGTCTGGAGCAAAGCTCATCGGAACTGACAATTCTGTCGTCC
280 -----
281 -----G-A-----
282 -----
283 -----A-----G-----
284 -----A-----A-T-----G-----
285 -----A-----A-T-----G-----T-----
286 -----A-----C-----G-C-----A-----
287 -----G-----A-----G-----G-----
288 -----G-A-----G-----C-G-T-T-----
289 -----G-A-----G-----C-G-T-T-----
290 -----GA-----A-T-----G-----C-G-T-----
291 -----A-T-----G-----C-----T-----
292 -----G-A-T-----C-----C-A-T-----
293 -----G-A-T-----C-----C-----T-----
294 -----G-----G-A-T-----C-C-----C-----T-----
295 -----A-T-----C-----C-----T-----
296 -----G-A-T-----G-----C-----T-----
297 -----G-CA-T-----C-----C-----T-----
298 -----G-A-T-----G-----C-----T-----
299 -----CA-T-----C-----C-----
300 -----A-T-----C-----
301 -----A-----CA-TC-----G-G-T-C-T-T-----
302 -----A-----CA-T-----G-----T-C-----T-----
303 -----A-----CA-TC-----G-G-T-C-----T-F-----
304 -----G-----T-----T-----
305 -----A-----CA-T-----G-----T-C-----T-----
306 -----CA-TC-----G-G-T-C-----T-T-----
307 -----A-----CA-TC-----G-G-T-C-----T-T-----
308 -----A-----CA-TC-----G-G-T-C-----T-T-----
309 -----A-----A-T-----G-C-T-----T-----
310 -----A-----A-T-----G-C-T-----T-----
311 -----TC-----C-A-----
312 -----TC-----C-A-----
313 -----A-----G-CT-----C-G-----T-----
```

28/71

SEQ ID

NO 1351

Start of Hbx protein

| | | | |
|-----|---------------------------|----------------|---------------------------|
| 279 | TCTCGCGGAAATATA | CATCGTTTCC | ATGGCTGCTAGGCTGTACTGCCAAC |
| 280 | -----A----- | ----- | ----- |
| 281 | -----C----- | -----A----- | -----G----- |
| 282 | ----- | ----- | -----G----- |
| 283 | -T--T-A-----C----- | -A----- | -T----- |
| 284 | -T--C--C----- | ----- | -----G----- |
| 285 | -T--C--C----- | ----- | -----G----- |
| 286 | ---C--C--G----- | ----- | -----G----- |
| 287 | ---C--C--G-----A----- | ----- | -----G----- |
| 288 | ---T-----C--C--A--C----- | -----C--G----- | -----G----- |
| 289 | ---T-----C--C--A--C----- | -----C--G----- | -----G----- |
| 290 | ---T-----C--C--C--C----- | -----C--G----- | -----G----- |
| 291 | ---T-----C--C--C--C----- | -----C--G----- | -----G----- |
| 292 | ---T-----C--C--C----- | ----- | -----G----- |
| 293 | ---T-----C--C--C----- | ----- | -----G----- |
| 294 | ---T-----C--C--C----- | -----C--G----- | -----G----- |
| 295 | ---T-----C--C--C----- | -----C--G----- | -----G----- |
| 296 | ---T-----C--C--C--C----- | -----C--G----- | -----G----- |
| 297 | ---T-----C--C--C----- | ----- | -----G----- |
| 298 | ---T-----C--C--C--C----- | -----C--A----- | -----G----- |
| 299 | ---T-----C-----C----- | -----C--G----- | -----G----- |
| 300 | ---T--C-----C-----C----- | -----C----- | -----G----- |
| 301 | -A--C--C----- | ----- | -----G----- |
| 302 | ---C--C----- | ----- | -----G----- |
| 303 | ---C--C----- | ----- | -----G----- |
| 304 | ----- | ----- | -----T----- |
| 305 | -A----- | ----- | -----T----- |
| 306 | ---C--C-----G----- | ----- | -----G----- |
| 307 | ---C--C-----A----- | ----- | -----G----- |
| 308 | ---C--C----- | ----- | -----G----- |
| 309 | ---C-----C----- | ----- | -----G----- |
| 310 | ---C-----G-----C----- | ----- | -----G----- |
| 311 | ---T-----G-----C----- | -----C--T----- | -----G----- |
| 312 | ---C-----G-----C----- | -----C--A----- | -----G----- |
| 313 | ---TA-----G--C--C--C----- | -----C--A----- | -----G-----A----- |

29/71

SEQ ID

NO 1401

279 TGGATCCTTCGCGGGACGTCCTTTGTTTACGTCCCGTCGGCGCTGAATCC
280 -----
281 -----
282 -----
283 -A--T-----C-----
284 -----G-----C-----
285 -----G-----C-----T-----
286 -----G-----
287 -----G-----
288 -----G-----A-----
289 -----G-----A-----
290 -----G-----C-----
291 -----G-----C-----
292 -----G-----C-----
293 -----G-----C-----
294 -----G-----C-----
295 -----G-----C-----
296 -----G-----C-----
297 -----G-----C-----
298 -----G-----C-----
299 -----A-----
300 -----A-A-----
301 -----GA-----C-----
302 -----G-----
303 -----G-----
304 -----
305 -----
306 -----G-----
307 -----G-----
308 -----G-----
309 -----G-A-----C-----A-----
310 -----G-A-----C-----A-----
311 -----G-----
312 -----G-----
313 -----G-----A-----

30/71

SEQ ID

NO 1451

```
279 CGCGGACGACCCCTCTCGGGGCCGCTTGGGAGTCTCTCGTCCCCTTCTCC
280 -----C-----
281 -----C-----
282 -----C--A-----
283 -----G--A-----C-G-A-----
284 -----C-----GC--AC--C--G-----
285 -----C-----GC--AC--C--G-----
286 -----C-----GC--AC--C--G-----
287 -----T--C-----GC--AC--C--G-----
288 -----G----C----T----CC--ATC-----T-
289 -----G----C----T----CC--ATC-----T-
290 -----G----T----CC--AC-----T-G--TT
291 -----G----T----CC--AC-----T-
292 -----G----T----CC--AC-----T-
293 -----G----T----GC--AC-----T-
294 -----G----T----C--AC-----T-
295 -----G----T----CC--A-----T-
296 -----G----T----CC--AC-----T-
297 -----G----T----CC--A-----T-
298 -----G-----T-T----CC--AC-----T-
299 -----G--C----T----GC--AC-----TT
300 -----G-----T----GA--AC-----T-
301 A-----T-----C-----
302 -----G-----T-----C-----
303 -----T-----C-----T
304 -----T-----C-----
305 -----C-----
306 -----T-----C-----
307 -----T-----T-----C-----
308 -----T-----GA--T-----
309 T-----G-----T-----GA--T-----
310 T-----G-----T-----GA--A-----
311 A-----A--C----T-----GC-G-AC--C-----T-
312 A-----A--C-----GC--AC--C--T-----G-
313 -----C-----GC-G-AC--C--T-----
```

SEQ ID

NO 1501

279 GTCTGCCGTTCCAGCCGACCACGGGGCGCACCTCTCTTTACGCGGTCTCC

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----A--GT-----

284 -C-----A--GT-----A----

285 -----A--GA-----A----

286 -----A--GT-----A----

287 -C---TT--A--GA-----A----

288 A-----G-----G-----

289 A-----G-----G-----

290 C-----

291 A-----

292 A-----G-----

293 T-----G-----

294 A-----G-----TT

295 A--A-----G-----

296 A-----G-----G-----

297 -----T-----G-----

298 A-----G-----

299 -----G-----G--A-----

300 -----G-----G--A-----

301 -----T-GT-----A----

302 -----GA-----A----

303 -----T-GA-----A----

304 -----

305 -----A

306 -----T-GA-----A----

307 -----T-GA-----A----

308 -----GT-----A----

309 -----G-----G-----

310 -----

311 -----A--T-----A----

312 -----T-----A----

313 -----G--T-----A----

32/71

SEQ ID

NO 1551

279 CCGTCTGTGCCTTCTCATCTGCCGGTCCGTGTGCACTTCGCTTCACCTCT

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----

284 -----A-----

285 -----G-----A-----

286 -----A-----

287 -----A-----

288 -----A-----

289 -----A-----

290 -----A-----

291 -----

292 -----A-----

293 -----A-----

294 TT-----

295 -----A-----C-----

296 -----

297 -----A-----

298 -----A-----

299 -----A-----

300 -----A-----

301 -----A-----

302 -----T-A-T-----

303 -----A-----

304 -----

305 -----

306 -----A-----

307 -----A-----

308 -----

309 -----A-----

310 -----T-----A-----

311 -----T-----A-----

312 -----T-----

313 -----T-----A-----

SEQ ID

NO 1601

End of HB pol protein

| | |
|-----|--|
| 279 | GCACGTTGCATGGAGACCACCGTGAACGCCCATCAGATCCTGCCCAAGGT |
| 280 | -----C----- |
| 281 | ----- |
| 282 | -----G----- |
| 283 | -----G----- |
| 284 | -----C-----G-A----- |
| 285 | -----C-----G-A----- |
| 286 | -----C-----C-G-A----- |
| 287 | -----C-----CGG-A----- |
| 288 | -----C-----G---G-T----- |
| 289 | -----C-----G---G-T----- |
| 290 | -----C-----G---C---G-T-----C- |
| 291 | -----C-----C---G-T---T---C- |
| 292 | -----A-----C---G-T----- |
| 293 | -----C-----C---G-T----- |
| 294 | -----C-----C---G-T----- |
| 295 | -----C-----C---G-T----- |
| 296 | -----C-----C---G-T----- |
| 297 | -----C-----C---G-T----- |
| 298 | -----C-----G-GT----- |
| 299 | -----C-----A-----CAT-G-T----- |
| 300 | -----C-----CAT-G-AT----- |
| 301 | -----C-----C-AT-T----- |
| 302 | -----C-----C-A-AT----- |
| 303 | -----C----- |
| 304 | -----A-----TA----- |
| 305 | -----C-----A-GT----- |
| 306 | -----C-----C-AT-T----- |
| 307 | -----C-----A-----A-CAT-T----- |
| 308 | -----C-----C-CT-T----- |
| 309 | -----C-----C-A-T----- |
| 310 | -----C-----C-A-AT----- |
| 311 | -----C-----CCTG-GTT---A-CA-- |
| 312 | -----C-----CCTG-GTT---A-CA-- |
| 313 | -----C-----CCTG-GTT---A-CA-- |

SEQ ID

NO 1651

HBPr 69

| | |
|-----|--|
| 279 | CTTACATAAGAGGACTCTTGGACTCTCAGCAATGTCAACGACCGACCTTG |
| 280 | -----C----- |
| 281 | -----C----- |
| 282 | -----A-----C----- |
| 283 | ----- |
| 284 | ---G-----T----- |
| 285 | ---G-----T-----C----- |
| 286 | ---G-----T----- |
| 287 | ---G-----T----- |
| 288 | -----T----- |
| 289 | -----T----- |
| 290 | -----A----- |
| 291 | ----- |
| 292 | ---C----- |
| 293 | -----C----- |
| 294 | -----G----- |
| 295 | -----C----- |
| 296 | -----G----- |
| 297 | ---T----- |
| 298 | ---T-----T----- |
| 299 | ---G-----A----- |
| 300 | ---G-----G----- |
| 301 | ----- |
| 302 | -----T----- |
| 303 | -----C----- |
| 304 | T-----C----- |
| 305 | -----C----- |
| 306 | -----T-T----- |
| 307 | -----T-T----- |
| 308 | ----- |
| 309 | -----T----- |
| 310 | -----T----- |
| 311 | ---T---G-CG---T---TGGA-C- |
| 312 | -----A---T---G-CG---T---TGGA-C- |
| 313 | ---C---T---G-TG---T---TGGA-C- |

35/71

SEQ ID

NO 1701

HBPr 70

| | |
|-----|--|
| 279 | AGGCCTACTTCAAAGACTGTGTGTTTAAGGACTGGGAGGAGCTGGGGGAG |
| 280 | -----T----- |
| 281 | ----- |
| 282 | ----- |
| 283 | -----A-----T----- |
| 284 | ---AC-----CT-G-----T----- |
| 285 | ---A-----CT-G-----T----- |
| 286 | ---A-----T-G----- |
| 287 | ---A-----T-G-----T----- |
| 288 | ---A-----CT-----A-----CT----- |
| 289 | ---A-----CT-----A-----CT----- |
| 290 | ---A-----T-----A-----T----- |
| 291 | ---A-----T-----A-----T----- |
| 292 | ---A-----T-----A-----T----- |
| 293 | ---A-----A-----T----- |
| 294 | ---A-----T-----T----- |
| 295 | ---A-----T-----T----- |
| 296 | ---A-T-----T-----A-----T----- |
| 297 | ---A-----T-----A-----T----- |
| 298 | ---A-----T-----T----- |
| 299 | ---A-T-----C-A-----T----- |
| 300 | ---A-----A-----A-----T----- |
| 301 | ---A-----T-----A-G-----T----- |
| 302 | ---A-----T-----A-----T----- |
| 303 | ----- |
| 304 | ----- |
| 305 | ----- |
| 306 | ---A-----T-----TC----- |
| 307 | ---A-----T-----A-----T----- |
| 308 | ---A-----T-----T----- |
| 309 | ---A-----T-----A-----T----- |
| 310 | ---A-----T-----A-----TC----- |
| 311 | -A-A---A-----A----- |
| 312 | -A-AA---A-----A-----A----- |
| 313 | -A-AA---A-----A-----T----- |

SEQ ID
NO 1751 pre Core promoter Core promoter

279 GAGATTAGGTTAAAGGTCTTTGTATTAGGAGGCTGTAGGCATAAATTGGT

280 -----T-A-----

281 -----

282 -----T-A-----

283 -----

284 -----C-----C-----

285 -----C-----C-----

286 -----C-C-----

287 ---G-----C-----

288 -----T-A-----C-----

289 -----T-A-----C-----

290 -----C-----

291 -----C-----

292 -----C-----

293 -----C-----////////

294 -----C-----

295 -----C-G-----

296 -----T-----C-----

297 -----T-A-----C-----

298 --AC-----T-A-----C-----

299 ---G---A-----C-----

300 -----A-----C-----

301 -----A---T-G-----

302 -----A-----C-----

303 -----

304 -----

305 -----

306 -----A---T-A-----C-----

307 -----A-----

308 -----A-----C-----

309 -----A-----C-----

310 -----A-----C-----

311 -----C-----C-----

312 -----C-----C-----

313 -----

37/71

SEQ ID

NO

End of hbz protein

1801

Start PreCore

| | | | | |
|-----|-----------------|---|---|---|
| 279 | CTGCGCACCAGCACC | ATGCAACTTTTT | / | CACCTCTGCCTAATCATCTCTT |
| 280 | ----- | <div style="border: 1px solid black; width: 150px; height: 20px; display: inline-block;"></div> | / | ----- |
| 281 | ----- | <div style="border: 1px solid black; width: 150px; height: 20px; display: inline-block;"></div> | / | ----- |
| 282 | ----- | ----- | / | <div style="border: 1px solid black; width: 150px; height: 20px; display: inline-block;"></div> |
| 283 | ----- | TT-T | / | ----- |
| 284 | ---TT | ----- | / | -----A |
| 285 | ---TT | <div style="border: 1px solid black; width: 150px; height: 20px; display: inline-block;"></div> | / | -----A |
| 286 | ---TT | <div style="border: 1px solid black; width: 150px; height: 20px; display: inline-block;"></div> | / | -----G |
| 287 | G---TT | ----- | / | -----A |
| 288 | ---TT | ----- | / | -----T |
| 289 | ---TT | ----- | / | -----T |
| 290 | ---TT | ----- | / | -----A |
| 291 | ---TT | ----- | / | -----A |
| 292 | ---TT | ----- | / | -----C |
| 293 | ////////// | //////// | / | -----A |
| 294 | ---TT | ----- | / | -----A |
| 295 | ---TT | ----- | / | -----A |
| 296 | ---TT | ----- | / | -----C |
| 297 | ---TT | ----- | / | -----A |
| 298 | ---TT | ----- | / | ----- |
| 299 | ----- | ----- | / | -----A |
| 300 | ----- | ----- | / | -----A |
| 301 | ----- | ----- | / | ----- |
| 302 | ----- | ----- | / | ----- |
| 303 | ----- | ----- | / | ----- |
| 304 | ----- | ----- | / | ----- |
| 305 | ----- | ----- | / | ----- |
| 306 | ----- | ----- | / | ----- |
| 307 | ----- | ----- | / | ----- |
| 308 | ----- | ----- | / | ----- |
| 309 | ----- | ----- | / | ----- |
| 310 | ----- | ----- | / | ----- |
| 311 | ---TT | ----- | / | ----- |
| 312 | ----- | ----- | / | ----- |
| 313 | ---TT | ----- | / | -----T |

SEQ ID

NO 1851

codon 15

codon 28

279 GTACATGTCCCACTGTT⁴⁵CAAGCCTCCAAGCTGTGCCTTGGGTGGCTTTGG

280 -----

281 -----

282 --T-----T-----A

283 -----T-----A-----

284 --T-----T-----

285 --T-----T-----

286 --T-----T-----

287 --T-----T-----⁴⁶

288 --T-----T-----C

289 --T-----T-----C

290 --T-----T-----⁴⁷

291 --T-----T-----

292 --T-----T-----⁴⁸

293 --T-----T-----

294 --T-----T-----⁴⁹

295 --T-----T-----

296 --T-----T-----A

297 --T-----T-----A

298 --T-----T-----A

299 --T-----T-----

300 --T-----T-----

301 --T-----T-----A

302 --T-----T-----

303 -----

304 --T-----T-----A

305 --T-----T-----

306 --T-----T-----A

307 --T-----T-----

308 --T-----T-----

309 --T-----T-----

310 --T-----T-----

311 --T-----T-----

312 --TT-----

313 --T-----

SEQ ID

39/71

NO 1901

codon 29 Start HbcAg

HBPr 7

| | |
|-----|--|
| 279 | GGCATGGACATTGACCCTTATAAAGAATTTGGAGCTACTGTGGAGTTACT |
| 280 | ----- |
| 281 | ----- |
| 282 | -----G----- |
| 283 | -----AGCTACTGTG-AGT-ACTC |
| 284 | -----G-----T----- |
| 285 | -----G-----T----- |
| 286 | -----C----- |
| 287 | -----G-----T----- |
| 288 | -----G-----T----- |
| 289 | -----G-----T----- |
| 290 | -----G-----T----- |
| 291 | -----G-----T----- |
| 292 | -----G-----T----- |
| 293 | -----G-----AT----- |
| 294 | -----G-----T----- |
| 295 | -----G-----T----- |
| 296 | -----A-G-----T----- |
| 297 | -----G-----T----- |
| 298 | -A-----A-----T----- |
| 299 | -----T-----T----- |
| 300 | -----T----- |
| 301 | -A-----T-----T-A-----G----- |
| 302 | -----C----- |
| 303 | ----- |
| 304 | -----C----- |
| 305 | ----- |
| 306 | -A-----T----- |
| 307 | -----T----- |
| 308 | ----- |
| 309 | ----- |
| 310 | -----T-----A-GT----- |
| 311 | -----T-----A-GT----- |
| 312 | -----T----- |
| 313 | ----- |

SEQ ID

NO 1951

HBPr 8

| | | | |
|-----|------------|-------------------------|----------------------|
| 279 | CTCGTTTTTG | CCTTCTGACTTCTTTCCTTC | CGTCAGAGATCTCCTAGACA |
| 280 | ----- | ----- | -----AC----- |
| 281 | ----- | ----- | ----- |
| 282 | ----- | -----CA----- | ----- |
| 283 | TCAT--- | GC-T-CTGACT-CT--C-T-C- | GTC-G-GATCTA-TAGA-T- |
| 284 | ---T--- | ----- | TA-TC-----T-C--- |
| 285 | ---T--- | ----- | TA-TC-----T-C--- |
| 286 | ---T--- | -----G--G--GC-G--C----- | T----- |
| 287 | ---T--- | -----G--G--GC----- | C----- |
| 288 | ---T--- | -----T----- | A-TC-----C--- |
| 289 | ---T--- | -----T----- | A-TC-----C--- |
| 290 | ---T--- | ----- | TA-TC-----C--- |
| 291 | ---T--- | ----- | TA-TC-----C--- |
| 292 | ---T--- | ----- | TA-TC-----C--- |
| 293 | ---T--- | -----G-- | TA-TC-----T--- |
| 294 | ---T--- | ----- | TA-TC-----C--- |
| 295 | ---T--- | ----- | TA-TC-----C--- |
| 296 | ---T--- | ----- | TA-TC-----C--- |
| 297 | ---T--- | -----G--T-- | TC-----C--- |
| 298 | ---T--- | ----- | TA-TC-----C--- |
| 299 | ---T--- | -----T-----A-- | TA-TC-----C---C--- |
| 300 | ---T--- | -----T-----A-- | TA-TC-----C---C--- |
| 301 | ----- | -----A-- | A-AC-----T---T--- |
| 302 | ----- | ----- | A-AC-----T---T--- |
| 303 | ----- | ----- | AC----- |
| 304 | -C--A- | -----TC-A- | AC-----T--- |
| 305 | ----- | ----- | A----- |
| 306 | -----C- | ----- | A-AC-----T---T--- |
| 307 | ----- | ----- | A-AC-----T---T--- |
| 308 | ---A--- | -----T----- | G-AC-----T---T--- |
| 309 | ----- | ----- | A-A-----T---T--- |
| 310 | ----- | ----- | A-A-----T---T--- |
| 311 | ---T--- | G-----G--T-- | TC-G--C---C--- |
| 312 | ---T--- | -----G--AA- | C---C-T-C--- |
| 313 | ----- | -----T--C-A- | G-TC-G--C-A-C--- |

SEQ ID

NO 2001

279 CCGCCTCAGCTCTGTATCGAGAAGCCTTAGAGTCTCCTGAGCATTGCTCA
280 -----
281 -----G-----G-----
282 -----
283 -A-----A-----G-----
284 -----T-----G-G-----G-A-----T-----
285 -----T-----G-G-----G-A-----T-----
286 ---T---T-----G-----A-A-----
287 -----T---T-----G-G-----G-A-----T-----
288 -----T-----A-G-G-----G-A-----T-----
289 -----T-----A-G-G-----G-A-----T-----
290 -----T-----G-G-----G-A-----T-----
291 -----T-----G-G-----G-A-----T-----
292 -----T-----G-G-----G-A-----T-----
293 -----T-----G-G-----G-A-----T-----
294 -----A-----G-G-----G-A-----T-T-----
295 -----G-G-----G-A-----T-----
296 -----TT-----C-----G-G-----G-A-----T-----
297 -----T-----C-----G-G-----G-A-----T-----
298 -----T-----G-G---C-----G-----TA-----
299 -----G-G-----G-----T-----
300 -----G-G-----G-A-----T-----
301 -----A-----G-----TA-----
302 -----G-T-----T-----
303 -----G-----T-----
304 -----G-----T-----
305 -----
306 -----A-----G-----A-----T-----
307 A-----G-----T-----
308 -----G-T-----T-----
309 -----G-T-----A-----A-----T-----
310 -----G-T-----T-----
311 -----C-----C-G-T-----A-G-A-----A-C-----
312 -----G-T-G-----A-G-A-----A-C-----
313 ---T---T---C-G-T-T-----A-----A-----A-T-----

SEQ ID

NO 2051

279 CCTCACCATACTGCACTCAGGCAAGCCATTCTCTGCTGGGTGGAATTGAT
280 -----G-----
281 -----C-----G-----
282 -----G-----G-----A--
283 -----A-----G-A-----A--
284 -----G-----T-----G-T---GT--G-----
285 -----G-----T---T-G-T---GT--G-----
286 -----C-A-----T-----G-----G-----A--
287 -----G-----T-----G-T---GT--G-A--
288 -----T---A-----T-----G-T---GT--G-----
289 -----T---A-----T-----G-T---GT--G-----
290 -----A-----T-----G-T---GT--G-----
291 -----A-----T-C-G-T---GT--G-----
292 -----A-----T-----G-T---GT--G-----
293 -----A-----T-----G-T---GT--G-A--
294 -----T---A-----T-----G-T---GT--G-----
295 -----C-----T-----G-T---CGT--G-----
296 -----A-----T---G-G-T---GT--G-----
297 -----A-----T-----G-T---T-G-----
298 -----A-----T-----G-T---GT--G-----
299 -----A-----TG---G-T---GT--G-A--
300 -----A-----TG---G-T---GT--G-A--
301 -----T-----A---T-----G-----A--
302 -----A---T-----G---C-A--
303 -----A---T-----G---C-A--
304 -----A---T-----G---C-A--
305 -----G---C-----
306 -----A-----G---TC-A--
307 -----A-A-G-----G---C-A--
308 -----A---T-----G---C-A--
309 --G---C-----T-----G---C-A--
310 -----C-----T-----GA---C-A--
311 --CA-T---C-T-----T---T-G-----GT--G-A--
312 --CA-T---C-T-----T---T-G-T---GT-----A--
313 --CA-----T-----T---T-G-T---GT--G-A--

SEQ ID

NO 2101

```
279 GACTCTAGCTACCTGGGTGGGTAATAATTTGGAAGATCCAGCATCCAGGG
280 -----C-----A-
281 -----C-----
282 -----C-----
283 -----C-----C---C---
284 --A-----C-----A-G-----C---C---C---
285 --A-----C-----A-G-----C---C---C---
286 -----C-----C---
287 --A-----C-----A-G-----G-----
288 --A--G-C-----A-G-----C-----
289 --A--G-C-----A-G-----C-----
290 --A-T-G-C-----A-G-----C-----
291 --A-T-G-C-----A-G-----C-----
292 --A--G-C-----A-G-----C-----
293 --A--G-C-----A-G-----C-----
294 --A--G-C-----A-G-----C-----
295 --A--G-C-----A-G-----C-----
296 --A--G-C-----A-G-----C-----
297 --A--G-C-----A-G-----C-----
298 --AC--G-C-----A-G-----A-----
299 --A--G-----A-G-----C-----A--A--
300 --A--G-----A-G-----C-----
301 -----C-----GG-----C-----A-----
302 -----GT-----T-----
303 -----GT-----T--A--
304 -----GT-----T--A--
305 -----AT-----G-----G--T-----
306 A-----T-C-----GG-----A-----T-----
307 -----GG-----AT-----
308 -----GT-----T-----
309 -----GTA-----
310 -----GTA-----
311 -----T-G--T-----C--T--G-T-----
312 -----T-G--T-----C-----G--C--T--G-----
313 -----T-G--T-----C-----G--C--T--G-T-----
```

SEQ ID

NO 2151

279 ATCTAGTAGTCAATTATGTTAATACTAACATGGGTTTAAAGATCAGGCAA

280 -----

281 -----A-----

282 ---A-----

283 -----CC-----

284 -AT-----G-----C---GT---T---CC---A---A---

285 -AT-----G-----C---GT---T---CC---A---A---

286 -----C-----CC-----

287 -AT-----GC-----C---CGT---T---CC---A---A---

288 -A-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

289 -A-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

290 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

291 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

292 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A---T---A---

293 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

294 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

295 -AT-----GC-----C---GT---T---C---CC---A---A---

296 -AT-G-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

297 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

298 -AGC-----GC-----C---GT---T---CC---AC---A---

299 -AT-G-----G-----C---GT---T---CC---A-----

300 -AT---G---G-----C---C-T---T---CC---A---A---

301 -C-----G-----C---T---CC---T-----

302 -C-----G-----C---C---T---CC---T---A---

303 -C-----G-----C---C---T---C---T-----

304 -CT-----G-----C---C---T---CC---T-----

305 -C-----G-----C---T---CC-----

306 -C-----G-----C---T---CC---T-----

307 -C-----G-----C---C---T---CC---AT-----

308 -C-----G-----C---C---T---CC---T-----

309 -C-----G-----C---T---CC---T-----

310 -C-----G-----C---T---CC---T-----

311 --T-----T-----C---C---T---C-----T---A---

312 --T-----T---C-----C---T---C-----T---A---

313 --T-----T---C-----C-----CC---A---T---A---

SEQ ID

NO 2201

```

279 CTATTGTGGTTTCATATATCTTGCCTTACTTTTGGGAAGAGAGACTGTGCT
280 -----A--
281 --C-----G--C--A-----A--A--
282 -----T--TG-----C--A--
283 T-----T-----A--C--
284 -----C-T-C-T--G-----A--T--
285 -----C-T-C-T-----A--T--
286 ---G-----C-T-C-T-----A--T--
287 -----C-T-C-T-----G--A--T--
288 -----C-T-C-----A--TT-
289 -----C-T-C-----A--TT-
290 -----T-C-T-----A--T--
291 -----C-T-C-T-----A--C--
292 -----C-T-C-----A--TT-
293 -----C-T-C-----A--T--
294 ---C-----C-T-C-T-----A--T--
295 ---C-----C-T-C-T-----A-G-T--
296 -----C-T-C-T-----A--TT-
297 -----C-T-C-T-----T--T--
298 -----C-T-C-T-----A--T--
299 --G-----T-C-T-----A--T--
300 -----C-T-C-T-----A-A-CG-
301 -----CG-T--T-C-----A-A-TA-
302 ---C-----C-T--T-C-T-----A-A-TA-
303 ---C-----C-T--T-C-----A-A-TA-
304 ---C-----C-T--T-C-----A-A-TA-
305 -----A--G-CA-
306 -----C-T--T-C-----A-A-TA-
307 -----C-T--T-C-----A-A-CA-
308 -----C-T--T-C-----A-C-CA-
309 T-----C-T--T-C-----A-C-CA-
310 T-----C-T--T-C-----A-A-T--
311 -----C-C-C-T-----A-A-T--
312 -----C-T-C-----A-A-T--
313 --G-----C-T-C-----A-A-T--

```

SEQ ID

NO 2251

279 TGAATATTTGGTCTCTTTCCGGAGTGTGGATTTCGCACTCCTCCAGCCTATA
280 -----
281 -----
282 -----
283 ---G-----
284 -----G-----T-----A-----A-----
285 -----G-----T-----A-----T-----A-----
286 G-----A-----T-----T-----C-----
287 -----G-----T-----T-----A-----
288 G--G-----A-----T-----C--T--C--
289 G--G-----A-----T-----C--T--C--
290 ---G-----G-----T-----C--T--C--
291 ---G-----G-----T-----C--T--C--
292 ---G-----G-----T-----C--T--C--
293 G--G-----A-----T-----C--T--C--
294 ---G-----G-----T-----T--T--C--
295 ---G-----G-----T-----T--T--C--
296 ---G-----A--G--T-----A-----C--
297 A--G-----G-----T-----TC--T--C--
298 ---G-----G-----T-----A--C--T--C--
299 ---G--C-----G--C--T-----C--T--C--
300 ---G-----G-----T-----C--T--C--
301 A--G-----G-----T-----A--T-----
302 A--G-----G-----T-----
303 A--G-----GG-----T-----
304 A--G-----G-----T-----
305 -----
306 A--G-----G-----T-----T-----
307 A--G-----G-----T-----T-----
308 A--G-----G-----T-----
309 A--G-----G-----T-----T-----
310 A--G-----G-----T-----T-----
311 ---G-----G--C--T-----A--T--T-----
312 ---G-----G--C--T-----T-----
313 A--G-----G--C--T-----T--T--C--

47/71

SEQ ID

NO 2301 Start HB pol protein

279 GACCACCAAATGCCCCTATCTTATCAACACTTCCGGAAACTACTGTTGTT

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----

284 -----

285 -----

286 -----

287 -----

288 -----

289 -----

290 -----

291 -----

292 -----

293 -----

294 -----

295 -----

296 -----

297 -----

298 -----

299 -----

300 -----

301 -----G--TG-----

302 -----C-----G-----

303 -----C-----G-----

304 -----C-----G-----

305 -----

306 -----G-----

307 -----G-----

308 -----

309 -----G-A-----

310 -----G-A-----

311 -----C--C-----

312 -----C--C-----

313 -----C--C-----

SEQ ID

NO 2351

279 AGACGACGGGACCGAGGCAGGTCCCCTAGAAGAAGAACTCCCTCGCCTCG
280 -----
281 -----
282 ---T-T-----C-----
283 -----A-----
284 -----////////-A-----
285 -----////////-
286 -----////////-
287 -----A-////////-
288 -----////////-
289 -----////////-
290 -----////////-
291 -----////////-
292 -----////////-
293 -----////////-
294 -----////////-
295 -----////////-
296 -----////////-
297 ---A---////////-
298 -----////////-
299 ---A-////////-
300 ---T---////////-
301 -----////////-
302 -----////////-
303 -----////////-GC
304 -C-----////////-
305 -----////////-
306 -----////////-
307 -----////////-
308 -----////////-
309 ---A-////////-
310 ---A-////////-
311 -----////////-
312 -----////////-
313 -----////////-

SEQ ID

NO 2401

279 CAGACGCAGATCTCAATCGCCGCGTCGCAGAAGATCTCAATCTCGGGAAT
280 -----
281 -----
282 -----
283 -----
284 -----A-G-----
285 -----A-G-----CG-----
286 -----A-G-----A-----
287 -----A-G-----
288 -----A-----G-----
289 -----A-----G-----
290 -----A-G-----
291 -----A-G-----
292 -----A-G-----
293 -----A-G-----
294 -----A-G-----
295 -----A-G-----
296 -----A-G---A-----A-----
297 -----A-----A-----C
298 -----A-G-----
299 -----A-G-----
300 -----A-G-----A-----
301 -----A-G-----
302 -----A-G-----
303 -----A-G-----
304 -----CA-G-----
305 -----A-G-----
306 -----A-G-----A-----A-----
307 -----A-G-----
308 -----A-----CA-CT-
309 -----A-----CA-CT-
310 -----A-----CA-CT-
311 -C---A-G-----CA-CT-
312 -----A-G-----C-C-----CA-CT-
313 -----A-----

50/71

SEQ ID

NO 2451

End of HBcAg

| | |
|-----|--|
| 279 | CTCAATGTTAGTATTCCTTGGACTCATAAGGTGGGAAACTTTACTGGGCT |
| 280 | -----C-----G----- |
| 281 | -----C----- |
| 282 | -----T----- |
| 283 | -----G----- |
| 284 | -----G----- |
| 285 | -----C-----G----- |
| 286 | -C-----C-----G----- |
| 287 | -----A-----G----- |
| 288 | -----C----- |
| 289 | -----C----- |
| 290 | -----C----- |
| 291 | -----C----- |
| 292 | -----C----- |
| 293 | -----C----- |
| 294 | -----C----- |
| 295 | -----C-----T----- |
| 296 | -----C-----A----- |
| 297 | -----C-----A-----A----- |
| 298 | -----A-G-C----- |
| 299 | -C-----C----- |
| 300 | -C-----C-----G----- |
| 301 | -----G-T----- |
| 302 | -----G-----T----- |
| 303 | -----G-----G----- |
| 304 | -----G----- |
| 305 | -----C-----G----- |
| 306 | -----G----- |
| 307 | -----A-----T-----G----- |
| 308 | -----T-----G----- |
| 309 | -C-----T-----G----- |
| 310 | -C-----T-----G----- |
| 311 | -C-----T-----G----- |
| 312 | -C-----G----- |
| 313 | -C----- |

SEQ ID

NO 2501

```

279 TTATTCCTCTACAGTACCTATCTTTAATCCTGAATGGCAAACCTCCTTCCT
280 -----
281 -----C-----
282 -----
283 -----T-----T-C-----A-----T-
284 -----T-----G-----G-----C-----A-
285 -----T-----G-----G-----A-----
286 -----T-----G-----G-----T-
287 -----T-----G-----TG-----A-----T-
288 -----T-----T-----G-----G-----C-
289 -----T-----T-----G-----G-----C-
290 -----T-----T-----G-C-----G-CC-----C-
291 -----T-----T-----G-----G-C-----C-
292 -----T-----T-----G-----T-A-----C-
293 -----T-----T-----G-----C-G-----C-
294 -----T-----T-----G-----G-----C-
295 -----T-----T-----G-----G-----C-
296 C-----T-----T-----G-----G-----C-
297 -----T-----T-----G-----G-A-----C-T-
298 ---C---T-----T-----G-----G-----C-
299 -----T-----T-----G-----C-----T-
300 -----T-----T-----G-----C-----T-
301 -----T-----T-T---G-----C---C-T---A---A-C-T-
302 -----T-----T-----G-----C-T---A---A-A-T-
303 -----T-----T-T---G-----C---C-T---G---C-C-T-
304 -----T-----T-T---G-----C-T---A---A---T-
305 -----T-----T-----G-----C-T---A---A-A-T-
306 -----T-----T-T---G-----C---C-T---A---A-C-T-
307 -----T-----T-----G-----C---C-T---A---A-C-T-
308 -----T-----T-----G-----C---C-T---A---A-C-T-
309 C-C-T-----TA-T---G-----A-C---A-----A-T-
310 ---C---T-----TA-----G-----A-C---A-----A-T-
311 C-C-T-----T-----GCT-C-----A-C---TT-----T-
312 C-C-T-----T-----GCT-C-----C-C---TT-----T-
313 ---C---T-----T-G---GCT-----A-C---TCC-----T-

```

SEQ ID

NO 2551

279 TTCCTAAGATTTCATTTACAAGAGGACATTATTAATAGGTGTCAACAATTT
280 -----
281 -----A-----
282 -----
283 -----A-----T-A-----GC-----G-----
284 -----G-C-----G-G-----C-----A-----A-----
285 -----G-C-----G-G-----T-C-----G-----
286 -----AG-C-----G-----G-G-----A-----A-G-----
287 -----G-C-----G-G-----G-G-----A-----A-G-----
288 -----C-C-----G-----A-----A-----
289 -----C-C-----G-----A-----A-----
290 -----C-----G-----A-----A-----
291 -----C-----T-----A-----A-----
292 -----C-C-----G-----A-----A-----
293 -----C-C-----G-----A-----A-----
294 -----C-C-----G-----A-----A-----
295 -----C-C-----G-----A-----A-----
296 -----T-----G-----T-----A-----A-----
297 -----C-----G-----G-----A-----A-----
298 -----C-----G-----G-----A-----A-----
299 -----G-C-----G-G-----A-----A-----
300 -----G-C-----G-G-----A-----A-----
301 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----
302 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----G-----
303 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----G-----
304 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----G-----
305 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----G-----
306 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----
307 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----
308 -----T-A--C--CC-A-----C-A-AA--G-----
309 -----G-T-----G-CC-----C-AA--G-----
310 -----G-T-----G-CC-----C-AA--G-----
311 -----G-T-----TC---T-G-ATC-AA--G-----
312 -----G-T-----G-TC-A--C-G-ATC-AA--G-----
313 -----G-T-----G-TC-A--C-G--TC-AA--G-----

53/71

SEQ ID

NO 2601

279 GTGGGCCCTCTCACTGTAAATGAAAAGAGAAGATTGAAATTAATTATGCC

280 -----

281 -----

282 -----T-----

283 --A-----A-----C-----

284 -----A-C-T-A-G-----A-G--C-A-----G-----

285 -----A-C-----A-G-----C-G--C-A-----G-----

286 -----A-C-T-A-----C-G--C-A-----A-----

287 -----G-C-T-A-----C-G--C-A-----

288 -----T-A-T-----A-G--A-----

289 -----T-A-T-----A-G--A-----

290 -----T-A-T-----A-G--A-----

291 -----T-A-T-----A-G--A-----

292 -----G-A-T-----A-G--A-----

293 -----T-G-T-----A-G--A-----

294 -----T-A-T-----A-G--A-----

295 -----T-A-T-----A-G--A-G-----

296 --A-----T-A-T-----A-G--A-----

297 -----T-A-G-----A-G--A-----

298 -----T-A-T-----A-G--A-----

299 -----T-A-T-----A-----A-----

300 -----T-A-T-----A-----A-----

301 --A-----A-----A-C-----G-A-----C-C--G-----

302 --A-----A-----A-T-----G-A-----C--G-C-----

303 --A-----A-----A-T-----G-A-----C--G-----

304 --A-----A-----A-C-----G-A-----C-C--G-----

305 --A-----A-----A-T-----G-A-----C--G-----

306 --A-----A-----A-C-----G-A-----C-C--G-----

307 --A-----A-----A-C-----G-A-----C-C--G-----

308 --A-----A-----A-----G-AC-----C-C-----

309 --A-T-----A-A-----AC-----A-C--G-C-----

310 --A-T-----A-----AC-----A-C--G-C-----

311 --A-----G-----AA-----TT-----A-----GG-C-----

312 --A-----A-T-CAA-----TT-----G-----G-----

313 --A-----A-T-AA-----TTAC-----A-----GG-----

SEQ ID

NO 2651

279 TGCCAGATTCTATCCTACCCACACTAAATATTTGCCCTTAGACAAAGGAA
 280 ---T-----
 281 ---T-----
 282 ---T-----A-----
 283 ---T-G-T-----A-AG---A-----G-
 284 ---T-G-----C-ATGTT-----T-----
 285 ---T-G-----C-ATGTT-----T-----
 286 ---T---T-----C-ATGTT--C-----T---T-
 287 C--T-G-T-----C-ATGTT-----T---G-
 288 ---T-G-T-----AA-TT--C-----G-T---C-
 289 ---T-G-T-----AA-TT--C-----G-T---C-
 290 ---T-G-----A--TT--C-----G-T---C-
 291 ---T-G-----A--TT--C-----G-T---C-
 292 ---T-G-----A--TT--C-----G-----C-
 293 ---T-G-----A--TT-----C-----C-
 294 ---T-G-----A--TT--C-----A-G-----C-
 295 ---T-G-----A--TT--C-----C-----G-----C-
 296 ---T-G-----A--TT--C-----G-T---T-
 297 ---T-G-----A--TT--C-G-----A---G-T---C-
 298 ---T-G-T-----A-A--TT--C-----G-T---C-
 299 ---T-G-T-----A--TT-----C-----C-
 300 ---T-G-T-----A--TT--C-----T---C-
 301 --T--G-T-----A-TGGTT--C-----A-G-T-G-T-
 302 ---T-G-T-----A-AGGTT--C-----A-A-G-T-G-T-
 303 ---T-G-T-----A-AGGTT--C-----A-A-G-T-G-T-
 304 ---T-G-T-----A-ATGT--C-----A-G-T-G-T-
 305 ---T-G-T-----A-AGGTT--C-----A-A-G-T-G-T-
 306 ---T-G-T-----A-AGGTT--C-----A-G-T-G-T-
 307 A--T-G-T-----A-ATGTT--C-----A-G-T-G-T-
 308 ---T-G-T-----A-ATGTT-----A---T-G-T-
 309 ---T---T-T---C-T-TCT--A-----C---G---T-
 310 ---T---T-T---C-T-TCT--G-----C---G---T-
 311 A--T---T-----AG--T--C-----C-TA-G-G---G-
 312 A-----T-----AA-TT-----C-TC-G-G---AC-
 313 A--T---T-----AGGTT--C-----T--A-G-T---C-

55/71

SEQ ID

NO 2701

279 TTAAACCTTATTATCCAGATCAGGTAGTTAATCATTACTTCCAAACCAGA
280 -----
281 -----
282 -----
283 ---A-----T---T-----T---C---
284 -----G-T-----G-G---
285 -C-----G-T-----G-G---
286 -C-----G-T-----G-T---
287 -C---G-----GT-T-----G-GC---
288 -----T-A-T-C-----A---T-G
289 -----T-A-T-C-----A---T-G
290 -----T-A-T-C-----A---T-G
291 -----T-A-T-C-----A---T-G
292 -----G-----T-AT-T-C-----A---T-G
293 -----G-----T-A-T-C-----A---T-G
294 -----A-----T-A-T-C-----A---T-G
295 -----A-----T-A-T-C-----A---T-G
296 -----T-A-T-C-----T---A---T-G
297 -----T-A-T-C-----T---T-G
298 -----T-A-T-C-----T---T-G
299 -----A---AC-----A---T-G
300 -----T-A-T-C-----A---A-G
301 -----G-----A-TC-----T---
302 -----A-TC-----T---
303 -----A-TC-----T---
304 -----G-TC-----T---
305 -----A-TC-----T---
306 -----A-TC-----T---
307 -----AT-TT-----T---
308 -----G-A-TT-----T---
309 -A-----A-T-----T---
310 -A-----A-T-----T---
311 -----C-----C-----T-T---
312 -----G-T-C-----T-T---
313 -C---C-----T-G-T-C-----TA-----

56/71

SEQ ID

NO 2751

279 CATTATTTACATACTCTTTGGAAGGCTGGTATTCTATATAAGAGGGGAAAC
280 -----
281 -----G-----A-----
282 --C-----C-----
283 -----G-----
284 -----G-----CT-----A--A--G--
285 -----G-----CT-----A--A--G--
286 -----G-----G-----CT-----A--A--GT-
287 -----C-----G--G--CT-----A--A--GT-
288 -----G-----G--C-----A-----
289 -----G-----G--C-----A-----
290 -----G-----C-----A--A-----
291 -----G--G-----C-----A--A-----
292 -----G-----C-----A-----
293 -----G-----C-----A-----
294 -----G-----G--C-----A-----
295 -----G-----G--C-----A-----
296 -----G-----C-----A-----
297 -----G-----C-----A-----
298 -----G-----C-----A-----
299 -----G-----G-----G-----A-----
300 -----G-----C--CT-----A--A-----
301 -----C-----A-----G--G--AT-----A-----
302 --C-----C-----A-----G-----AT-----A-----
303 --C-----C-----A-----G-----AT-----A-----
304 -----C-----A-----G-----AT-----A-----
305 --C-----C-----A-----G-----AT-----A-----
306 -----C-----A-----G--G--AT-----A-----
307 -----C-----A-----G-----AT-----C-----A-----
308 -----C-----A-----G-----AT-----
309 --C-----C--A-----GCA-----A--A-----
310 --C-----C--A-----G--C--CT-----A--A-----
311 -----G-----T--A-----G--A-----A-----
312 -----G-----T--A-----G--A--T-----A--T-----
313 -----G-----T--A-----G--A--T-----A--T-----

57/71

SEQ ID

NO 2801

HBPR 1

| | | |
|-----|-----------------------------|------------------------|
| 279 | CACACGTAGCGCATCATTTTGGGGTCA | CCATATTCTTGGGAACAAGAGC |
| 280 | ----- | ----- |
| 281 | ----- | ----- |
| 282 | -----C | -----C |
| 283 | T-----C | ----- |
| 284 | A-----C | ----- |
| 285 | A-----C | -----T |
| 286 | A---A-----C | -----T |
| 287 | -----C | -----T |
| 288 | T---C---C | -----T |
| 289 | T---C---C | -----T |
| 290 | T---C---T | -----T |
| 291 | T---C---T | -----T |
| 292 | T---C---C | -----T |
| 293 | T---C---C | -----T |
| 294 | T---C---T---C---C | -----T |
| 295 | T---G---C---C | -----T |
| 296 | T---T---C | -----T |
| 297 | T---C---T---C | -----T |
| 298 | T---C---C---T | -----T |
| 299 | T---C---C | -----T |
| 300 | T---C---T---C | -----T |
| 301 | A---A---C | -----T---A |
| 302 | A---A---C | -----T |
| 303 | A---A---C | -----T |
| 304 | A---A---C | -----T |
| 305 | A---A---C | -----T |
| 306 | T---A---C | -----C |
| 307 | T---A---C | -----T |
| 308 | A---C | -----T |
| 309 | T---C | -----T |
| 310 | T---C | -----T |
| 311 | -----C | -----T---A---C |
| 312 | -----C | -----T |
| 313 | -----C | -----T---C |

58/71

SEQ ID

NO

Start HBpreS1Ag

2851

HBPr 2

279 TACAGCATGGGAGGTTGGTCATCAAAACCTCGCAAAGGCATGGGGACGAA

280 -----//-----22

281 -----

282 -----G-A-----

283 -----T-----

284 -----C-C-----AC-----A-

285 -----C-C-----AC-----A-

286 -----T-C-----A-----A-

287 -----T-C-----A-----A-

288 -----T-C-----AC-----

289 -----T-C-----AC-----

290 -----G-----T-C-----AC-----

291 -----T-C-----AC-----

292 -----T-C-----AC-----

293 -----T-C-----AC-----

294 -----T-C-----AC-----

295 -----T-C-----AC-----

296 -----T-C-----AC-----

297 -----T-C-----AC-----

298 -----T-C-----AC-----

299 -----T-----G-----

300 -----T-C-----G-----92

301 -----//-----CA---

302 -----//-----CA---

303 -----//-----CA---

304 -----//-----CA---

305 -----//-----CA---

306 -----//-----CA---

307 -----//-----CA---

308 -----//-----CA---

309 -----T-----GCT--CT-GGA-GGTC--60--T-G--//TG-----A--61

310 -----T-----GCT--CT-GGA-GGTC--T-G--//TG-----A--

311 -----CACCTCTC-----CGA-AA-A-GG-----ACA--

312 -----CACCTCTC-----CGA-AA-A-GG-----ACA--

313 -----CACCTCTC-----CGA-A--A-G-----ACA--

59/71

SEQ ID

NO 2901

50

279 TCTTTCTGTTCCCAACCCTCTGGGATTCTTTCCCGATCATCAGTTGGACC
280 -----C-----
281 -----
282 -----
283 C-----
284 -----C-C-----T-----C-----E
285 -----C-C-----T-----C-----E
286 -----C-----T-C-----C-----
287 -----C-----T-----C-----
288 -----T-----C-----
289 -----T-----C-----
290 -----T-----C-----
291 -----T-----C-----
292 -----T-----C-----
293 -----T-----C-----
294 -----T-----C-----
295 -----T-----C-----
296 -----T-----C-----
297 -----T-----C-----
298 -----T-----C-----
299 -----G-A-----T-----C-----
300 -----T-----C-----
301 -----CACCAG-----T-----C-C-----T-
302 -----CACCAG-----T-----C-C-----T-
303 ---A---CACCAG-----T-----C-C-----T-
304 -----CACCAG-----T-----C-C-----T-
305 ---A---CACCAG-----T-----C-C-----T-
306 ---CACCAG-----T-----C-C-----T-
307 ---CACCAG-----T-----C-C-----T-
308 -----CACCAG-----T-----C-C-----T-
309 -A---CACCA-----T-----T-----C-C-----T-
310 -A---CACCA-----T-----T-----C-C-----T-
311 -----G-----T-A-----C-----G-A-C-----C-----T-
312 ---C-----G-----T-A-----A-C-----AC-----T-
313 ---C-----G-----T-----A-C-----C-----T-

60/71

SEQ ID

NO 2951

```

279 CTGCATTCTGGAGCCAACTCAAACAATCCAGATTGGGACTTCAACCCCATC
280 -----CA-----
281 ---T-----
282 -----
283 -----T-----
284 -----AA-----CG-----C-----C-----ACA-
285 -----AA-----CG-----C-----C-----ACA-
286 -----AA-----G-A-----C-----ACA-
287 -----AA-----G-A-----C-----G-A-
288 ---G-----A-
289 ---G-----A-
290 ---G-----A-
291 ---G-----A-
292 ---G-----A-
293 ---G-----A-
294 ---G-----C-----C-----A-
295 ---G-----A-
296 -----A-
297 ---G-----A-
298 ---G-----A-
299 ---G-----C-----A-
300 -----A-
301 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
302 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
303 -A--C-C-A--A--A--A--CGCA-----T--A-
304 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
305 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
306 -A--C--A--A--A--A--TGCA-----T--A-
307 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
308 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
309 -A-----A--A--A--A--C-GA-----CA--T--A-
310 -A-----A--A--A--A--C-GA-----CA--T--A-
311 -GCT---A--A--T--C-G-G--C--C-----A-A-A-
312 --CTT---A--A--T--C-G-G--C--C-----AAA-A-
313 -GCT---A--A--T--C-G-G--C--C-----A-A-A-

```

61/71

SEQ ID

NO 3001

```

279 AAGGACCACTGGCCAGCAGCCAACCAGGTAGGAGTGGGAGCATTCTGGGCC
280 -----
281 -----
282 -----G-----
283 -----CA-----T-----
284 -----A-----G-ACT-----A-----G-----
285 -----A-----G-ACT-----A-----G-----
286 -----A-----G-AC---C-A-----G-----
287 -----A-----G-AC-----A-----G-----
288 -----T-GT-----AG-A-T-----C-----
289 -----T-GT-----AG-A-T-----C-----
290 -----T-----AG-A-T-A-----C-----AC-----
291 -----T-----AC-CA-T-A-----C-----AC-----
292 -----T-----AG-A-T-----C-----T-T-----
293 -----T-A-----AG-A-T-----C-----
294 -----T-T-----AG-A-T-----C-----
295 -----T-----AG-A-T-----C-----
296 -----T-T-----AG-A-T-----C-----T-----
297 -----T-----AG-A-G-----C-----
298 -----T-T-----AG-----T-----
299 -----T-----AG-A-T-----C-----
300 -----T-A-----AG-A-T-----C-----
301 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
302 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
303 -----AC-----AC-----A-AT-----CT-----56-----T-----
304 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
305 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
306 -----TC-----AC-----A-----CT-----T-----
307 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
308 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
309 -----A-----A-G-A-----A-----C-----
310 -----A-----A-A-----A-----
311 -----AGT-----ATG-A-A-----GC-A-T-----
312 -----ACT-----ATG-A-A-----GT-A-T-----
313 -----AGT-----ATG-A-A-----GC-A-T-----

```

SEQ ID

NO 3051

279 AAGGCTCACCCCTCCACACGGCGGTATTTTGGGGTGGAGCCCTCAGGCTC³³
280 -G-----
281 -G--T-----G-----
282 -G-----
283 -G--T---T-C-----A--G-----
284 GG-AT---T-A-C-T-G-AC-G-----A-----
285 GG-AT---T-A-C-T-G-AC-G-----A-----
286 -G-AT-----C-T-G-AC-G-----
287 -G--T-----C-T-G-AC-G-----
288 -G--TA-C---A-----C-----
289 -G--TA-C---A-----C-----
290 -G--T-----A-----C-----
291 -G--T-----A-----C-----
292 -G--T-----A-----A-CC-----
293 -G--T-----A-----C-----
294 -G--T-----A-----C-----G-----
295 -G--T-----A-----C-----
296 -G--T---T-A-----C-----
297 -G--T-----A-----CC-----
298 -G--T-----A-----C-----
299 -G--T-----A-----A--C-----C-----
300 -G--T-----A-----A--C-----A-----
301 GG-A-----A-G-----A-CC-----
302 GG-TT-----A-G-----A-CC-----
303 GG-A-----A-G-----A-CC-----
304 GG-TT-----A-G-----A--C-----
305 GG-TT-----A-G-----A-CC-----
306 GG-AT-----A-G-----A-CC-----
307 GG-AT-----A-----A-CC-----
308 GG-AT-----A-G-----A-CC-----
309 GG--T---T-C-----A-CC-----
310 TG--T---T-C-----A-CC-----
311 -G--T---A-C-----T-CC-GC-----A-----
312 -G--T---A-C-----T-CC-G-----A-----
313 -G--T---A-C-----T-CC-GC-----A-A-----

SEQ ID

NO 3101

279 AGGGCATATTGACCACAGTGTCAACAATTCCTCCTCCTGCCTCCACCAAT
280 -----
281 -----G-----C-----G-----
282 -A-----
283 -----G---C---C---G-G-G-----
284 -----C-C-A-T-C-⁵⁹GC-----
285 -----C-C-A-T-C-GC-----
286 -----C-C-AT-T-C-G-GC-----
287 -----C-C-C-A-T-C-G-GC-----
288 -----A-C-C-G-GCA-----
289 -----A-C-C-G-GCA-----
290 -----A-----C-G-GCG-----TT-----
291 -----C-----A-----C-G-GC-----
292 -----A---C-C-G-GCA-----
293 -----A-----C-G-GCA-----
294 -----G-----A-C-C-GT-GCA-----
295 -----A-----C-GT-GCA-----
296 -----A-----C-G-GCG-----T-----
297 -----C-----A-----C-G-GCG-----T-----
298 -----A-----C-G-GCG-----T-----
299 -----A-----C-G-GC-----T-----
300 -A-----A---C-C-G-GC-----
301 -----C-ACAG-C---C-G-A-G-----T-----
302 -----C-ACAA-TT-C-G-A-G-----
303 -----C-ACA---C---C-G-A-G-----T-----
304 -----C-ACAT-C---C-G-A-G-----T-----
305 -----C-ACAA-TT-C-G-A-G-----
306 -----C-ACAA-CT-C-G-A-G-----
307 -----C-AGAA-GT-C-G-A-G-----T-----
308 -----A-ACAA-CT-C-G-A-G-----A-T-----
309 -A-----GC-A-AA---T-C-G-GAC-G-----
310 -A-----GC-A-AA---T-C-G-GA---G-----
311 ---TG-T-A-A-CT-C-G-GA---G-----T-----
312 -A-TG-TC-A-A-CT-C-G-GA---G-----
313 -A-TG-G-A-A-CT-C-G-GA---G-----T-----

SEQ ID

NO 3151

279 CGGCAGTCAGGAAGGCAGCCTACTCCCATCTCTCCACCTCTAAGAGACAG
280 -----
281 -----
282 -----G-----A--
283 -----
284 -----T-----A-----C-G-----C
285 -----T-----A-----C-G-----C
286 -----C-----C-A-----G--C
287 -----T-A-C-----G--C
288 -----A-----
289 -----A-----
290 -----A-----
291 -----A-----54
292 -----A-----
293 -----A-----
294 -----A-----
295 -----A-----
296 -----A-----
297 -----A-----
298 -----A-----A-----
299 -----A-----G-----
300 -----A-----G-----
301 --C--A-----C-TC-G-----T-G-----C
302 --C-----C-TC-G-----T-G--A--C
303 --C--A-----A-----C-TC-G-----T-G-----C
304 --C-----C-TC-G-----T-G--A--C
305 --C-----C-TC-G-----T-G--A--C
306 --C-----A-----C-TC-G-----T-G--A--C
307 --C-----C-GC-G-----T-G--A--C
308 --C-----C-GC-G-----62T-G--A--C
309 -----C-A-A-----T-G-----C
310 -----C-A-A-----T-G-----C
311 ---T--C--G--A--A--C-AAG-----C
312 ---T--C--G--A--A--C--AG-----C
313 ---G--C--G--AA--A--C--AG-----C

65/71

SEQ ID

NO 3201

HBPr 3

Start HBpreS2Ag

| | |
|-----|------------------------|
| 279 | TCATCCTCAGGCCATGCAGTGG |
| 280 | ----- |
| 281 | ----- |
| 282 | ----- |
| 283 | ----- |
| 284 | -----A----- |
| 285 | ----- |
| 286 | ----- |
| 287 | ----- |
| 288 | ----- |
| 289 | ----- |
| 290 | ----- |
| 291 | ----- |
| 292 | ----- |
| 293 | ----- |
| 294 | ----- |
| 295 | ----- |
| 296 | ----- |
| 297 | ----- |
| 298 | ----- |
| 299 | ----- |
| 300 | ----- |
| 301 | ----- |
| 302 | ----- |
| 303 | -----G----- |
| 304 | ----- |
| 305 | ----- |
| 306 | ----- |
| 307 | ----- |
| 308 | ----- |
| 309 | ----- |
| 310 | ----- |
| 311 | A----- |
| 312 | A-----A-----A----- |
| 313 | A-----A-----A----- |

Figure 2

LIPA HBV DESIGN

| LIPA LINE | REGION | PURPOSE | PROBE SEQ ID NO | SEQUENCE |
|-----------|---------|---------------------|-----------------|----------------------|
| 0 | | PENCIL LINE | | |
| 1 | | BIOTINYL. DNA | | |
| 2 | PRES1 | AMPL. CONTR. | 33 | CTGAGGGGCTCCACCCCA |
| 3 | PRES1 | GENOTYPE A | 22 | AACCTCGCAAAGGCAT |
| 4 | PRES1 | GENOTYPE A | 50 | CCCAGAGGGTTGGGAAC |
| | PRES1 | GENOTYPE A | 15 | GCCAGCAGCCAACCAG |
| 5 | PRES1 | GENOTYPE B | 57 | CTGCATTCAAAGCCAACT |
| | PRES1 | GENOTYPE B | 58 | CCCCATGGGGGACTGTTG |
| 6 | PRES1 | GENOTYPE B | 59 | CATACTCACAACCTGTGCCA |
| 7 | PRES1 | GENOTYPE C | 55 | TTCAACCCCAACAAGGATC |
| 8 | PRES1 | GENOTYPE C | 54 | TCAGGAAGACAGCCTAC |
| 9 | PRES1 | GENOTYPE D | 92 | TTCTGCCCCATGCTGTA |
| 10 | PRES1 | GENOTYPE D | 56 | AATGCTCCAGCTCCTAC |
| 11 | PRES1 | GENOTYPE D | 73 | TTCCACCAGCAATCCTC |
| 12 | PRES1 | GENOTYPE E | 60 | GGGCTTTCTTGGACGGTCC |
| | PRES1 | GENOTYPE E | 61 | CTCTCGAATGGGGGAAGA |
| | PRES1 | GENOTYPE E | 62 | CCTACCCCAATCACTCCA |
| 13 | PRES1 | GENOTYPE F | 63 | AGCACCTCTCTCAACGACA |
| 14 | PRES1 | GENOTYPE F | 64 | GCAAATTCCAGCAGTCCCG |
| | PRES1 | GENOTYPE F | 65 | GCCAATGGCAAACAAGGTA |
| 15 | PRECORE | PROMOTER | 88 | TAGGTTAAAGGTCTTTGT |
| 16 | PRECORE | PROMOTER | 89 | TAGGTTAATGATCTTTGT |
| 17 | PRECORE | SCAN CODON -2 to +3 | 12 | AAGTTGCATGGTGCTG |
| 18 | PRECORE | SCAN CODON 1 to 5 | 34 | ATGCAACTTTTTTCACC |
| 19 | PRECORE | SCAN CODON 5 to 9 | 13 | CACCTCTGCCTAATCAT |
| 20 | PRECORE | SCAN CODON 12 to 17 | 45 | TGTACATGTCCCACTGTT |
| 21 | PRECORE | SCAN CODON 12 to 17 | 46 | TGTTCATGTCCTACTGTT |
| 22 | PRECORE | SCAN CODON 16 to 20 | 47 | ACTGTTCAAGCCTCCAAG |
| 23 | PRECORE | SCAN CODON 19 to 23 | 48 | GGCACAGCTTGGAGGCTT |
| 24 | PRECORE | SCAN CODON 23 to 27 | 49 | AAAGCCACCCAAGGCACA |
| 25 | PRECORE | CODON 28 WT | 9 | TGGCTTTGGGGCATGG |
| 26 | PRECORE | CODON 28 MT | 10 | TGGCTTTAGGGCATGG |
| 27 | PRECORE | CODON 28+29 MT | 42 | TGGCTTTAGGACATGGA |

Figure 4

GENOTYPING IN HBsAg

| GENOTYPE | PROBE SEQ ID NO | SEQUENCE |
|----------|--------------------|------------------------------|
| A | 193 | GGA TCA ACA ACA ACC AGT |
| | 140 | CT CAA GGC AAC TCT ATG GG |
| | 77 | CTA CGG ATG GAA ATT GC |
| B | 78 | TAC GGA CGG AAA CTG C |
| C | 153 | CT CTA CTT CCA GGA ACA G |
| | 154 | C TGC ACG ATT CCT GCT |
| | 204 | CT TTC GCA AGA TTC CTA TGG G |
| D | 165 | AC TCT ATG TAT CCC TCC T |
| | 208 | GC TGT ACC AAA CCT TCG GAT |
| E | 172 | G GGA CCC TGC CGA AC |
| | 213 | AG TGG TTC GCC GGG CTG G |
| F | 216 | CA GGA TCC ACG ACC ACC AGG |
| | 219 | GC TGT TCC AAA CCC TCG GAG |
| | 186 | G CCA AAT CTG TGC AGC |
| A/B | 148 | CT TTC GCA AAA TAC CTA TG |
| C/D/E | 80 | CTT CGG ACG GAA ATT GC |
| E/F | 177 | ATG TTG CTG TTC AAA ACC TG |

DRUG RESISTANCE IN RT POL GENE

| GENOTYPE | PROBE SEQ ID NO | SEQUENCE |
|----------|--------------------|------------------------------------|
| A | 115 | TCA GCT ATA TGG ATG ATG WILD TYPE |
| | 116 | TTC AGC TAT GTG GAT GAT MUTANT |
| D | 127 | TC AGT TAT ATG GAT GAT G WILD TYPE |
| | 132 | T TTC AGT TAT GTG GAT GAT MUTANT |

PRECORE REGION

| GENOTYPE | PROBE SEQ ID NO | SEQUENCE |
|----------|--------------------|---|
| | 88 | TAG GTT AAA GGT CTT TGT PROMOTER WT |
| | 89 | TAG GTT AAT GAT CTT TGT PROMPTER MT |
| | 119 | TGG CTT TGG GGC ATG WT CODON 28 |
| | 10 | TGG CTT TAG GGC ATG G MT M2 CODON 28 |
| | 122 | TGG CTT TGG GAC ATG G MT M4 CODON 29 |
| | 42 | TGG CTT TAG GAC ATG GA MT M2/M4 CODON 28/29 |